

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum  
Internationales Büro



525710

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum  
25. März 2004 (25.03.2004)

PCT

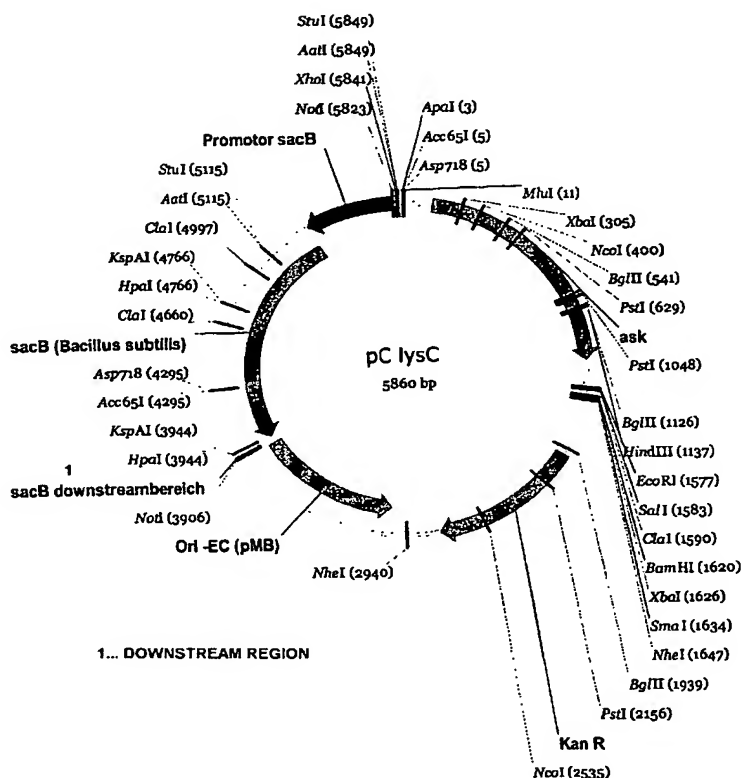
(10) Internationale Veröffentlichungsnummer  
**WO 2004/024933 A2**

- (51) Internationale Patentklassifikation<sup>7</sup>: C12P 13/04, 13/12
- (21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2003/009453
- (22) Internationales Anmeldedatum:  
26. August 2003 (26.08.2003)
- (25) Einreichungssprache: Deutsch
- (26) Veröffentlichungssprache: Deutsch
- (30) Angaben zur Priorität:  
102 39 082.7 26. August 2002 (26.08.2002) DE
- (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): BASF AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; 67056 Ludwigshafen (DE).
- (72) Erfinder; und
- (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): KRÖGER, Burkhard [DE/DE]; Im Waldhof 1, 67117 Limburgerhof (DE). ZELDER, Oskar [DE/DE]; Franz-Stützel-Str. 8, 67346 Speyer (DE). KLOPPROGGE, Corinna [DE/DE]; Rastatter Str. 10, 68239 Mannheim (DE). SCHRÖDER, Hartwig [DE/DE]; Benzstr. 4, 69226 Nussloch (DE). HÄFNER, Stefan [DE/DE]; Luitpoldstr. 11, 67063 Ludwigshafen (DE).
- (74) Anwalt: KINZEBACH, Werner; Reitstötter, Kinzebach & Partner (GbR), Sternwartstr. 4, 81679 München (DE).
- (81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR,

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: METHOD FOR ZYMOTIC PRODUCTION OF FINE CHEMICALS (METY) CONTAINING SULPHUR

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR FERMENTATIVEN HERSTELLUNG SCHWEFELHALTIGER FEINCHEMIKALIEN (METY)



(57) Abstract: The invention relates to methods for the zymotic production of fine chemicals, especially L-methionine, containing sulphur using bacteria, wherein a nucleotide sequence coding for a methionine-synthase (methH)-gene is expressed.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft Verfahren zur fermentativen Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, unter Verwendung von Bakterien, in denen eine für ein Methionin-Synthase (methH)-Gen kodierende Nukleotidsequenz exprimiert wird.

WO 2004/024933 A2



KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

- (84) **Bestimmungsstaaten (regional):** ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL,

PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

**Veröffentlicht:**

- *ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts*

*Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.*

# VERFAHREN ZUR FERMENTATIVEN HERSTELLUNG SCHWEFELHALTIGER FEINCHEMIKALIEN (METY)

## Beschreibung

Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, unter Verwendung von Bakterien, in denen eine für  
5 ein O-Acetyl-Homoserin-Sulphydrolase (metY)-Gen kodierende Nukleotidsequenz exprimiert wird.

## Stand der Technik

10 Schwefelhaltige Feinchemikalien, wie zum Beispiel Methionin, Homocystein, S-Adenosyl-Methionin, Glutathion, Cystein, Biotin, Thiamin, Liponsäure werden über natürliche Stoffwechselprozesse in Zellen hergestellt und werden in vielen Industriezweigen verwendet, einschließ-  
lich der Nahrungsmittel-, Futtermittel-, Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie. Diese Sub-  
stanzen, die zusammen als "schwefelhaltige Feinchemikalien" bezeichnet werden, umfassen  
15 organische Säuren, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Vitamine und Cofaktoren. Ihre Produktion erfolgt am zweckmäßigsten im Großmaßstab mittels Anzucht von Bakterien, die entwickelt wurden, um große Mengen der jeweils gewünschten Substanz zu produzieren und sezernieren. Für diesen Zweck besonders geeignete Organismen sind coryne-  
forme Bakterien, gram-positive nicht-pathogene Bakterien.

20 Es ist bekannt, dass Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere Corynebacterium glutamicum, hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen, wie zum Beispiel Rührung und Versorgung mit  
25 Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien, wie zum Beispiel die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zum Produkt, beispielsweise durch Ionenaustauschchromatographie, oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

30 Über Stammselektion sind eine Reihe von Mutantenstämmen entwickelt worden, die ein Sortiment wünschenswerter Verbindungen aus der Reihe der schwefelhaltigen Feinchemikalien produzieren. Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen hinsichtlich der Produktion eines bestimmten Moleküls werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Dies ist jedoch ein zeitaufwendiges und schwieriges Verfahren. Auf  
35 diese Weise erhält man z.B. Stämme, die resistent gegen Antimetabolite, wie z. B. die Methionin-Analoga  $\alpha$ -Methyl-Methionin, Ethionin, Norleucin, N-Acetylnorleucin, S-Trifluoromethyl-

homocystein, 2-Amino-5-heprenoitsäure, Seleno-Methionin, Methioninsulfoximin, Methoxin, 1-Aminocyclopentan-Carboxylsäure oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und schwefelhaltige Feinchemikalien, wie z. B. L-Methionin, produzieren.

- 5 Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-Aminosäure produzierender Stämme von *Corynebacterium* eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht.
- 10 Die WO-A-02/18613 beschreibt die Nukleinsäure- und Aminosäuresequenz für metY aus *C. glutamicum* und dessen Verwendung zur Herstellung von L-Lysin.

#### Kurze Beschreibung der Erfindung

- 15 Der Erfindung lag die Aufgabe zugrunde, ein neues Verfahren zur verbesserten fermentativen Herstellung von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, bereitzustellen.

- Gelöst wird obige Aufgabe durch Bereitstellung eines Verfahrens zur fermentativen Herstellung einer schwefelhaltigen Feinchemikalie, umfassend die Expression einer heterologen Nukleotidsequenz, welche für ein Protein mit metY-Aktivität kodiert, in einem coryneformen Bakterium.
- 20

Ein erster Gegenstand der Erfindung ist Verfahren zur fermentativen Herstellung wenigstens einer schwefelhaltigen Feinchemikalie, welches folgende Schritte umfasst:

- a) Fermentation einer die gewünschte schwefelhaltige Feinchemikalie produzierenden coryneformen Bakterienkultur, wobei in den coryneformen Bakterien zumindest eine heterologe Nukleotidsequenz exprimiert wird, welche für ein Protein mit O-Acetyl-Homoserin-Sulphydrolase (metY) –Aktivität kodiert;
- 25 b) Anreicherung der schwefelhaltigen Feinchemikalie im Medium oder in den Zellen der Bakterien, und
- 30 c) Isolieren der schwefelhaltigen Feinchemikalie, welche vorzugsweise L-Methionin umfasst.

- Vorzugsweise besitzt obige heterologe metY-kodierende Nukleotidsequenz zur metY-kodierenden Sequenz aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 eine Sequenzhomologie von weniger als 100%, wie z.B. mehr als 70%, wie 75, 80, 85, 90 oder 95 %, oder weniger als 70%, wie z.B. bis zu 60, 50, 40, 30, 20 oder 10 %. Die metY-kodierende Sequenz ist vorzugsweise aus einem der folgenden Organismen von Liste I abgeleitet:
- 35



Liste I

<i>Corynebacterium diptheriae</i>	ATCC 14779
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> CDC1551	ATCC 25584
<i>Clostridium acetobutylicum</i>	ATCC 824
<i>Bacillus halodurans</i>	ATCC21591
<i>Bacillus stearothermophilus</i>	ATCC 12980
<i>Chlorobium tepidum</i>	ATCC 49652
<i>Synechococcus</i> sp.	ATCC27104
<i>Emmericella nidulans</i>	ATCC 36104
<i>Bacteroides fragilis</i>	ATCC 25285
<i>Lactococcus lactis</i>	ATCC 7962
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	ATCC 19395
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	ATCC 17933
<i>Nitrosomonas europaea</i>	ATCC 19718
<i>Sinorhizobium meliloti</i>	ATCC 4399
<i>Thermotoga maritima</i>	ATCC 43589
<i>Streptococcus mutans</i>	ATCC 25175
<i>Burkholderia cepacia</i>	ATCC 25416
<i>Deinococcus radiodurans</i>	ATCC 13939
<i>Rhodobacter capsulatus</i>	ATCC 11166
<i>Pasteurella multocida</i>	ATCC 6530
<i>Clostridium difficile</i>	ATCC 9689
<i>Campylobacter jejuni</i>	ATCC 33560
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	ATCC 6308
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	ATCC 2704
<i>Kluyveromyces lactis</i>	ATCC 8585
<i>Candida albicans</i>	ATCC 10231
<i>Schizosaccharomyces pombe</i>	ATCC 24969

5 ATCC: American Type Culture Collection, Rockville, MD, USA

Die erfindungsgemäß eingesetzte metY-kodierende Sequenz umfasst vorzugsweise eine kodierende Sequenz gemäß SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 oder eine dazu homologe Nukleotidsequenz, welche für ein

10 Protein mit metY-Aktivität kodiert.

Die erfindungsgemäß eingesetzte metY-kodierende Sequenz kodiert außerdem vorzugsweise für ein Protein mit metY-Aktivität, wobei das Protein eine Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52

und 54 oder eine dazu homologe Aminosäuresequenz, welche für ein Protein mit metY-Aktivität steht, umfasst.

Die kodierende metY-Sequenz ist vorzugsweise eine in coryneformen Bakterien replizierbare  
5 oder eine stabil in das Chromosom integrierte DNA oder eine RNA.

Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform wird das erfindungsgemäße Verfahren durchgeführt, indem man

- 10 a) einen mit einem Plasmidvektor transformierten Bakterienstamm einsetzt der wenigstens eine Kopie der kodierenden metY-Sequenz unter der Kontrolle regulativer Sequenzen trägt, oder  
b) einen Stamm einsetzt, in dem die kodierende metY-Sequenz in das Chromosom des Bakteriums integriert wurde

- 15 Es ist weiterhin bevorzugt, die kodierende metY-Sequenz für die Fermentation zu überexprimieren.

- Außerdem kann es wünschenswert sein, Bakterien zu fermentieren, in denen zusätzlich wenigstens ein weiteres Gen des Biosyntheseweges der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie  
20 verstärkt ist; und / oder  
in denen wenigstens ein Stoffwechselweg zumindest teilweise ausgeschaltet sind, der die Bildung der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie verringert.

- Außerdem kann es wünschenswert sein, Bakterien zu fermentieren, in denen zusätzlich wenigstens ein weiteres Gen des Biosyntheseweges der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie  
25 durch Stoffwechselmetabolite in seiner Aktivität nicht in unerwünschter Weise beeinflusst wird.

- Gemäß einer weiteren Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden deshalb coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt  
30 unter

- a) dem für eine Aspartatkinase kodierenden Gen lysC,  
b) dem für eine Aspartat-Semialdehyd-Dehydrogenase kodierenden Gen asd  
c) dem für die Glycerinaldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierenden Gen gap,  
35 d) dem für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierenden Gen pgk,  
e) dem für die Pyruvat Carboxylase kodierenden Gen pyc,  
f) dem für die Triosephosphat Isomerase kodierenden Gen tpi,

- g) dem für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierenden Gen metA,  
h) dem für die Cystathionin-gamma-Synthase kodierenden Gen metB,  
i) dem für die Cystathionin-gamma-Lyase kodierenden Gen metC,  
j) dem für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierenden Gen glyA,  
5 k) dem für die Methionin Synthase kodierenden Gen methH,  
l) dem für die Methylen-Tetrahydrofolat-Reduktase kodierenden Gen, metF  
m) dem für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierenden Gen serC  
n) dem für die Phosphoserin-Phosphatase kodierenden Gen serB,  
o) dem für die Serine Acetyl-Transferase kodierenden Gen cysE,  
10 p) dem für die Homoserin-Dehydrogenase kodierenden Gen hom,  
überexprimiert ist.

Gemäß einer anderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene ausgewählt unter  
15 Genen der oben genannten Gruppe a) bis p) mutiert ist, so dass die korrespondierenden Proteine, verglichen mit nicht mutierten Proteinen, in geringerem Maße oder nicht durch Stoffwechselmetabolite in ihrer Aktivität beeinflusst werden und dass insbesondere die erfindungsgemäße Produktion der Feinchemikalie nicht beeinträchtigt wird.

20 Gemäß einer anderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt unter

- q) dem für die Homoserine-Kinase kodierenden Gen thrB,  
r) dem für die Threonin Dehydratase kodierenden Gen ilvA,  
s) dem für die Threonin Synthase kodierenden Gen thrC  
25 t) dem für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierenden Gen ddh  
u) dem für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierenden Gen pck,  
v) dem für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierenden Gen pgi,  
w) dem für die Pyruvat-Oxidase kodierenden Gen poxB,  
x) dem für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierenden Gen dapA,  
30 y) dem für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierenden Gen dapB; oder  
z) dem für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierenden Gen lysA

abschwächt ist, insbesondere durch Verringerung der Expressionsrate des korrespondierenden Gens.

35 Gemäß einer anderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene der obigen Gruppen

q) bis z) mutiert ist, so dass die enzymatische Aktivität des korrespondierenden Proteins teilweise oder vollständig verringert wird.

Vorzugsweise werden in dem erfindungsgemäßen Verfahren Mikroorganismen der Art *Corynebacterium glutamicum* eingesetzt.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung eines L-Methionin-haltigen Tierfuttermittel-Additivs aus Fermentationsbrühen, welches folgende Schritte umfasst

- a) Kultivierung und Fermentation eines L-Methionin produzierenden Mikroorganismus in einem Fermentationsmedium;
- b) Entfernung von Wasser aus der L-Methionin haltigen Fermentationsbrühe;
- c) Entfernung der während der Fermentation gebildeten Biomasse in einer Menge von 0 bis 100 Gew.-%; und
- d) Trocknung der gemäß b) und/oder c) erhaltenen Fermentationsbrühe, um das Tierfuttermittel-Additiv in der gewünschten Pulver- oder Granulatform zu erhalten.

Gegenstand der Erfindung sind ebenfalls die erstmalig aus obigen Mikroorganismen isolierten kodierenden metY-Sequenzen, die davon kodierten O-Acetyl-Homoserin-Sulphydrolasen sowie die funktionalen Homologen dieser Polynukleotide bzw. Proteine.

#### Detaillierte Beschreibung der Erfindung

##### a) Allgemeine Begriffe

Als Proteine mit der Aktivität der O-Acetyl-Homoserin Sulphydrolase auch metY (EC 4.2.99.10) genannt, werden solche Proteine beschrieben, die in der Lage sind O-Acetyl-Homoserin und Sulfid unter Verwendung des Cofaktors Pyridoxal-Phosphat zu Homocystein umzusetzen. Der Fachmann unterscheidet die Aktivität der O-Acetyl-Homoserin Sulphydrolase von der O-Succinyl-Homoserin-Sulphydrolase auch metZ genannt. In dem letztgenannten Enzym dient O-Succinyl-Homoserin und nicht O-Acetyl-Homoserin als Substrat der Reaktion. Der Fachmann kann die enzymatische Aktivität von metY durch Enzymtests nachweisen, Vorschriften dafür können sein: Shimizu H. Yamagata S. Masui R. Inoue Y. Shibata T. Yokoyama S. Kuramitsu S. Iwama T. Biochimica et Biophysica Acta. 1549(1):61-72, 2001, Yamagata S. Isaji M. Nakamura K. Fujisaki S. Doi K. Bawden S. D'Andrea R. Applied Microbiology & Biotechnology. 42(1):92-9, 1994

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung umfasst der Begriff „schwefelhaltige Feinchemikalie“ jegliche chemische Verbindung, die wenigstens ein Schwefelatom kovalent gebunden enthält und durch ein erfindungsgemäßes Fermentationsverfahrens zugänglich ist. Nichtlimitierende Beispiele dafür sind Methionin, Homocystein, S-Adenosyl-Methionin, insbesondere Methionin, und S-Adenosyl-Methionin.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung umfassen die Begriffe „L-Methionin“, „Methionin“, Homocystein und S-Adenosylmethionin auch die korrespondierenden Salze, wie z. B. Methionin-Hydrochlorid oder Methionin-Sulfat.

"Polynukleotide" bezeichnet im allgemeinen Polyribonukleotide (RNA) und Polydeoxyribonukleotide (DNA), wobei es sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

Unter "Polypeptiden" versteht man erfindungsgemäß Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

Der Begriff „Stoffwechselmetabolit“ bezeichnet chemische Verbindungen, die im Stoffwechsel von Organismen als Zwischen- oder auch Endprodukte vorkommen und die neben ihrer Eigenschaft als chemische Bausteine auch modulierende Wirkung auf Enzyme und ihre katalytische Aktivität haben können. Dabei ist aus der Literatur bekannt, dass solche Stoffwechselmetabolite sowohl hemmend als auch stimulierend auf die Aktivität von Enzymen wirken können (Biochemistry, Stryer, Lubert, 1995 W. H. Freeman & Company, New York, New York.). In der Literatur ist auch beschrieben, dass es möglich ist durch Maßnahmen wie Mutation der genomischen DNA durch UV-Strahlung, ionisierender Strahlung oder mutagene Substanzen und nachfolgender Selektion auf bestimmte Phänotypen in Organismen solche Enzyme zu produzieren, in denen die Beeinflussung durch Stoffwechselmetabolite verändert wurde (Sahm H. Eggeling L. de Graaf AA. Biological Chemistry 381(9-10):899-910, 2000; Eikmanns BJ. Eggeling L. Sahm H. Antonie van Leeuwenhoek. 64:145-63, 1993-94). Diese veränderten Eigenschaften können auch durch gezielte Maßnahmen erreicht werden. Dabei ist dem Fachmann bekannt, dass in Genen für Enzyme bestimmte Nukleotide der für das Protein kodierenden DNA gezielt verändert werden können, so dass das aus der exprimierten DNA-Sequenz resultierende Protein bestimmte neue Eigenschaften aufweist, so zum Beispiel, dass die modulierende Wirkung von Stoffwechselmetaboliten gegenüber dem nicht veränderten Protein verändert ist

Enzyme können derart in ihrer Aktivität beeinflusst werden, dass es zu einer Verringerung der Reaktionsgeschwindigkeit, oder zu einer Veränderung der Affinität gegenüber dem Substrat o-

der zu einer Änderung der Reaktionsgeschwindigkeiten kommt.

Die Begriffe "exprimieren" bzw. "Verstärkung" oder „Überexpression“ beschreiben im Kontext der Erfindung die Produktion bzw. Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden. Dazu kann man beispielsweise ein Gen in einen Organismus einbringen, ein vorhandenes Gen durch ein anderes Gen ersetzen, die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöhen, einen starken Promotor verwenden oder ein Gen verwenden, das für ein entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und man kann gegebenenfalls diese Maßnahmen kombinieren.

#### b) Erfindungsgemäße metY-Proteine

Erfindungsgemäß mit umfasst sind ebenfalls „funktionale Äquivalente“ der konkret offenbarten metY-Enzyme aus Organismen obiger Liste I.

„Funktionale Äquivalente“ oder Analoga der konkret offenbarten Polypeptide sind im Rahmen der vorliegenden Erfindung davon verschiedene Polypeptide, welche weiterhin die gewünschte biologische Aktivität, wie z.B. Substratspezifität, besitzen.

Unter "funktionalen Äquivalenten" versteht man erfindungsgemäß insbesondere Mutanten, welche in wenigstens einer der oben genannten Sequenzpositionen eine andere als die konkret genannte Aminosäure aufweisen aber trotzdem eine der oben genannten biologische Aktivitäten besitzen. "Funktionale Äquivalente" umfassen somit die durch eine oder mehrere Aminosäure-Additionen, -Substitutionen, -Deletionen und/oder -Inversionen erhältlichen Mutanten, wobei die genannten Veränderungen in jeglicher Sequenzposition auftreten können, solange sie zu einer Mutante mit dem erfindungsgemäßen Eigenschaftsprofil führen. Funktionale Äquivalenz ist insbesondere auch dann gegeben, wenn die Reaktivitätsmuster zwischen Mutante und unverändertem Polypeptid qualitativ übereinstimmen, d.h. beispielsweise gleiche Substrate mit unterschiedlicher Geschwindigkeit umgesetzt werden.

"Funktionale Äquivalente" umfassen natürlich auch Polypeptide welche aus anderen Organismen zugänglich sind, sowie natürlich vorkommende Varianten. Beispielsweise lassen sich durch Sequenzvergleich Bereiche homologer Sequenzregionen festlegen und in Anlehnung an die konkreten Vorgaben der Erfindung äquivalente Enzyme ermitteln.

„Funktionale Äquivalente“ umfassen ebenfalls Fragmente, vorzugsweise einzelne Domänen oder Sequenzmotive, der erfindungsgemäßen Polypeptide, welche z.B. die gewünschte biologi-

sche Funktion aufweisen.

„Funktionale Äquivalente“ sind außerdem Fusionsproteine, welche ein der oben genannten Polypeptidsequenzen oder davon abgeleitete funktionale Äquivalente und wenigstens eine weitere, davon funktionell verschiedene, heterologe Sequenz in funktioneller N- oder C-terminaler Verknüpfung (d.h. ohne gegenseitigen wesentliche funktionelle Beeinträchtigung der Fusionsproteinteile) aufweisen. Nichtlimitierende Beispiele für derartige heterologe Sequenzen sind z.B. Signalpeptide, Enzyme, Immunoglobuline, Oberflächenantigene, Rezeptoren oder Rezeptorliganden.

Erfindungsgemäß mit umfasst „funktionale Äquivalente“ sind Homologe zu den konkret offenbarten Proteinen. Diese besitzen wenigstens 30%, oder etwa 40%, 50 %, vorzugsweise wenigstens etwa 60 %, 65%, 70%, oder 75% ins besondere wenigsten 85 %, wie z.B. 90%, 95% oder 99%, Homologie zu einer der konkret offenbarten Sequenzen, berechnet nach dem Algorithmus von Pearson und Lipman, Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) 85(8), 1988, 2444-2448.

Homologe der erfindungsgemäßen Proteine oder Polypeptide können durch Mutagenese erzeugt werden, z.B. durch Punktmutation oder Verkürzung des Proteins. Der Begriff „Homolog“, wie er hier verwendet wird, betrifft eine variante Form des Proteins, die als Agonist oder Antagonist der Protein-Aktivität wirkt.

Homologe des erfindungsgemäßen Proteine können durch Screening kombinatorischer Banken von Mutanten, wie z.B. Verkürzungsmutanten, identifiziert werden. Beispielsweise kann eine variierte Bank von Protein-Varianten durch kombinatorische Mutagenese auf Nukleinsäureebene erzeugt werden, wie z.B. durch enzymatisches Ligieren eines Gemisches synthetischer Oligonukleotide. Es gibt eine Vielzahl von Verfahren, die zur Herstellung von Banken potentieller Homologer aus einer degenerierten Oligonukleotidsequenz verwendet werden können. Die chemische Synthese einer degenerierten Gensequenz kann in einem DNA-Syntheseautomaten durchgeführt werden, und das synthetische Gen kann dann in einen geeigneten Expressionsvektor ligiert werden. Die Verwendung eines degenerierten Gensatzes ermöglicht die Bereitstellung sämtlicher Sequenzen in einem Gemisch, die den gewünschten Satz an potentiellen Proteinsequenzen codieren. Verfahren zur Synthese degenerierter Oligonukleotide sind dem Fachmann bekannt (Z.B. Narang, S.A. (1983) Tetrahedron 39:3; Itakura et al. (1984) Annu. Rev. Biochem. 53:323; Itakura et al., (1984) Science 198:1056; Ike et al. (1983) Nucleic Acids Res. 11:477).

Zusätzlich können Banken von Fragmenten des Protein-Codons verwendet werden, um eine variierte Population von Protein-Fragmenten zum Screening und zur anschließenden Selektion von Homologen eines erfindungsgemäßen Proteins zu erzeugen. Bei einer Ausführungsform kann eine Bank von kodierenden Sequenzfragmenten durch Behandeln eines doppelsträngigen PCR-Fragmentes einer kodierenden Sequenz mit einer Nuklease unter Bedingungen, unter denen ein Nicking nur etwa einmal pro Molekül erfolgt, Denaturieren der doppelsträngigen DNA, Renaturieren der DNA unter Bildung doppelsträngiger DNA, die Sense-/Antisense-Paare von verschiedenen genickten Produkten umfassen kann, Entfernen einzelsträngiger Abschnitte aus neu gebildeten Duplices durch Behandlung mit S1-Nuclease und Ligieren der resultierenden Fragmentbank in einen Expressionsvektor erzeugt werden. Durch dieses Verfahren kann eine Expressionsbank hergeleitet werden, die N-terminale, C-terminale und interne Fragmente mit verschiedenen Größen des erfindungsgemäßen Proteins kodiert.

Im Stand der Technik sind mehrere Techniken zum Screening von Genprodukten kombinatorischer Banken, die durch Punktmutationen oder Verkürzung hergestellt worden sind, und zum Screening von cDNA-Banken auf Genprodukte mit einer ausgewählten Eigenschaft bekannt. Diese Techniken lassen sich an das schnelle Screening der Genbanken anpassen, die durch kombinatorische Mutagenese erfindungsgemäßer Homologer erzeugt worden sind. Die am häufigsten verwendeten Techniken zum Screening großer Genbanken, die einer Analyse mit hohem Durchsatz unterliegen, umfassen das Klonieren der Genbank in replizierbare Expressionsvektoren, Transformieren der geeigneten Zellen mit der resultierenden Vektorenbank und Exprimieren der kombinatorischen Gene unter Bedingungen, unter denen der Nachweis der gewünschten Aktivität die Isolation des Vektors, der das Gen codiert, dessen Produkt nachgewiesen wurde, erleichtert. Recursive-Ensemble-Mutagenese (REM), eine Technik, die die Häufigkeit funktioneller Mutanten in den Banken vergrößert, kann in Kombination mit den Screeningtests verwendet werden, um Homologe zu identifizieren (Arkin und Yourvan (1992) PNAS 89:7811-7815; Delgrave et al. (1993) Protein Engineering 6(3):327-331).

c) Erfindungsgemäße Polynukleotide

Gegenstand der Erfindung sind ebenso Nukleinsäuresequenzen (einzel- und doppelsträngige DNA- und RNA-Sequenzen, wie z.B. cDNA und mRNA), kodierend für eines der obigen metY-Enzyme und deren funktionalen Äquivalenten, welche z.B. auch unter Verwendung künstlicher Nukleotidanaloga zugänglich sind.

Die Erfindung betrifft sowohl isolierte Nukleinsäuremoleküle, welche für erfindungsgemäße Polypeptide bzw. Proteine oder biologisch aktive Abschnitte davon kodieren, sowie Nukleinsäure-



fragmente, die z.B. zur Verwendung als Hybridisierungs sonden oder Primer zur Identifizierung oder Amplifizierung von erfindungsgemäßer kodierenden Nukleinsäuren verwendet werden können.

- 5 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle können zudem untranslatierte Sequenzen vom 3'- und/oder 5'-Ende des kodierenden Genbereichs enthalten

Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure zugegen sind und kann überdies im wesentlichen frei von anderem zellulären Material oder Kulturmedium sein, wenn es durch rekombinante Techniken hergestellt wird, oder frei von chemischen Vorstufen oder anderen Chemikalien sein, wenn es chemisch synthetisiert wird.

Die Erfindung umfasst weiterhin die zu den konkret beschriebenen Nukleotidsequenzen komplementären Nukleinsäuremoleküle oder einen Abschnitt davon.

Die erfindungsgemäß Nukleotidsequenzen ermöglichen die Erzeugung von Sonden und Primern, die zur Identifizierung und/oder Klonierung von homologer Sequenzen in anderen Zelltypen und Organismen verwendbar sind. Solche Sonden bzw. Primer umfassen gewöhnlich einen Nukleotidsequenzbereich, der unter stringenten Bedingungen an mindestens etwa 12, vorzugsweise mindestens etwa 25, wie z.B. etwa 40, 50 oder 75 aufeinanderfolgende Nukleotide eines Sense-Stranges einer erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz oder eines entsprechenden Antisense-Stranges hybridisiert.

Weitere erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenzen sind abgeleitet von SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 oder 53 und unterscheiden sich davon durch Addition, Substitution, Insertion oder Deletion einzelner oder mehrerer Nukleotide, kodieren aber weiterhin für Polypeptide mit dem gewünschten Eigenschaftsprofil. Dies können Polynukleotide sein, die zu obigen Sequenzen in mindestens etwa 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 80% oder 90%, vorzugsweise in mindestens etwa 95%, 96%, 97%, 98% oder 99% der Sequenzpositionen identisch sind.

Erfindungsgemäß umfasst sind auch solche Nukleinsäuresequenzen, die sogenannte stumme Mutationen umfassen oder entsprechend der Codon-Nutzung eines speziellen Ursprungs- oder Wirtsorganismus, im Vergleich zu einer konkret genannten Sequenz verändert sind, ebenso wie natürlich vorkommende Varianten, wie z.B. Spleißvarianten oder Allelvarianten, davon. Gegenstand sind ebenso durch konservative Nukleotids substitutionen (d.h. die betreffende Aminosäure

wird durch eine Aminosäure gleicher Ladung, Größe, Polarität und/oder Löslichkeit ersetzt) erhältliche Sequenzen.

- 5 Gegenstand der Erfindung sind auch die durch Sequenzpolymorphismen von den konkret offenbarten Nukleinsäuren abgeleiteten Moleküle. Diese genetischen Polymorphismen können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund der natürlichen Variation existieren. Diese natürlichen Variationen bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidsequenz eines Gens.
- 10 Weiterhin umfasst die Erfindung auch Nukleinsäuresequenzen, welchen mit oben genannten kodierenden Sequenzen hybridisieren oder dazu komplementär sind. Diese Polynukleotide lassen sich bei Durchmusterung von genomischen oder cDNA-Banken auffinden und gegebenenfalls daraus mit geeigneten Primern mittels PCR vermehren und anschließend beispielsweise mit geeigneten Sonden isolieren. Eine weitere Möglichkeit bietet die Transformation geeigneter
- 15 Mikroorganismen mit erfindungsgemäßen Polynukleotiden oder Vektoren, die Vermehrung der Mikroorganismen und damit der Polynukleotide und deren anschließende Isolierung. Darüber hinaus können erfindungsgemäße Polynukleotide auch auf chemischem Wege synthetisiert werden.
- 20 Unter der Eigenschaft, an Polynukleotide „hybridisieren“ zu können, versteht man die Fähigkeit eines Poly- oder Oligonukleotids unter stringenten Bedingungen an eine nahezu komplementäre Sequenz zu binden, während unter diesen Bedingungen unspezifische Bindungen zwischen nicht-komplementären Partnern unterbleiben. Dazu sollten die Sequenzen zu 70-100%, vorzugsweise zu 90-100%, komplementär sein. Die Eigenschaft komplementärer Sequenzen, spezifisch
- 25 aneinander binden zu können, macht man sich beispielsweise in der Northern- oder Southern-Blot-Technik oder bei der Primerbindung in PCR oder RT-PCR zunutze. Üblicherweise werden dazu Oligonukleotide ab einer Länge von 30 Basenpaaren eingesetzt. Unter stringenten Bedingungen versteht man beispielsweise in der Northern-Blot-Technik die Verwendung einer 50 – 70 °C, vorzugsweise 60 – 65 °C warmen Waschlösung, beispielsweise 0,1x SSC-Puffer mit
- 30 0,1% SDS (20x SSC: 3M NaCl, 0,3M Na-Citrat, pH 7,0) zur Elution unspezifisch hybridisierter cDNA-Sonden oder Oligonukleotide. Dabei bleiben, wie oben erwähnt, nur in hohem Maße komplementäre Nukleinsäuren aneinander gebunden. Die Einstellung stringenter Bedingungen ist dem Fachmann bekannt und ist z.B. in Ausubel et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6. beschrieben.

35

c) Isolierung der kodierenden metY-Gene

Die für das Enzym O-Acetyl-Homoserin-Sulphydrolase kodierenden metY Gene aus den Organismen obiger Liste I sind in an sich bekannter Weise isolierbar.

5 Zur Isolierung der metY-Gene oder auch anderer Gene der Organismen aus obiger Liste I wird zunächst eine Genbank dieses Organismus in Escherichia coli (E. coli) angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern ausführlich beschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990), oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 10 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des E. coli K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (198)) in  $\lambda$ -Vektoren angelegt wurde.

Zur Herstellung einer Genbank von Organismen der Liste I in E. coli können Cosmide, wie der Cosmidvektor SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences 15 USA, 84: 2160-2164), aber auch Plasmide, wie pBR322 (Bollival; Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19: 259-268), verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche E. coli Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DH5 $\alpha$ mcr, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe von Cosmiden klonierten 20 langen DNA-Fragmente können anschließend wiederum in gängige, für die Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert und anschließend sequenziert werden, so wie es z. B. bei Sanger et al. (proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74: 5463-5467, 1977) beschrieben ist.

25 Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen, wie z. B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232 (1986)), dem von Marck (Nucleic Acids Research 16, 1829-1836 (1988)) oder dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)), untersucht werden.

30 Die für die metY-Gene kodierenden DNA-Sequenzen von Organismen gemäß obiger Liste I wurden gefunden. Insbesondere wurden DNA-Sequenzen gemäß SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 gefunden. Weiterhin wurde aus diesen vorliegenden DNA-Sequenzen mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenzen der entsprechenden Proteine abgeleitet. Durch SEQ ID NO: 2, 4, 35 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52 und 54 sind die sich ergebenden Aminosäuresequenzen der metY Genprodukte dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus den Sequenzen gemäß SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 durch die Degeneration des genetischen Kodes ergeben, sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit diesen Sequenzen oder davon abgeleiteten Sequenzteilen hybridisieren, Gegenstand der Erfindung.

Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide für Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: A Practical Approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Weiterhin ist bekannt, dass Änderungen am N- und/oder C- Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169: 751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77: 237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3: 240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bionotechnology 6: 1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus den SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52 und 54 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

d) Erfindungsgemäß verwendete Wirtszellen

Weitere Gegenstände der Erfindung betreffen als Wirtszelle dienende Mikroorganismen, insbesondere coryneforme Bakterien, die einen Vektor, insbesondere Pendelvektor oder Plasmidvektor, der wenigstens ein metY Gen erfindungsgemäßer Definition trägt, enthalten oder in denen ein erfindungsgemäßes metY Gen exprimiert bzw. verstärkt ist.

Diese Mikroorganismen können schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Vorzugsweise sind dies coryneforme Bakterien, insbesondere der

Gattung *Corynebacterium*. Aus der Gattung *Corynebacterium* ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

- 5 Als Beispiele für geeignete Stämme coryneformer Bakterien sind solche der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum* (*C. glutamicum*), wie *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032, *Corynebacterium acetoglutamicum* ATCC 15806, *Corynebacterium acetoacidophilum* ATCC 13870,
- 10 *Corynebacterium thermoaminogenes* FERM BP-1539, *Corynebacterium melassecola* ATCC 17965

oder

- der Gattung *Brevibacterium*, wie
- 15 *Brevibacterium flavum* ATCC 14067 *Brevibacterium lactofermentum* ATCC 13869 und *Brevibacterium divaricatum* ATCC 14020 zu nennen; oder davon abgeleitete Stämme, wie *Corynebacterium glutamicum* KFCC10065
- 20 *Corynebacterium glutamicum* ATCC21608

welche ebenfalls die gewünschte Feinchemikalie oder deren Vorstufe(n) produzieren.

- Mit der Abkürzung KFCC ist die Korean Federation of Culture Collection gemeint, mit der Abkürzung ATCC die American type strain culture collection und mit der Abkürzung FERM die Sammlung des National institute of Bioscience and Human-Technology, Agency of Industrial Science
- 25 and Technology, Japan.

e) Durchführung der erfindungsgemäßen Fermentation

- 30 Erfindungsgemäß wurde festgestellt, dass coryneforme Bakterien nach Überexpression eines metY Gens aus Organismen der Liste I in vorteilhafter Weise schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, produzieren.

- Zur Erzielung einer Überexpression kann der Fachmann unterschiedliche Maßnahmen einzeln
- 35 oder in Kombination ergreifen. So kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expres-

sionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich, die Expression im Verlaufe der fermentativen L-Methionin-Produktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der mRNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bionotechnology 5, 137-146 (1987)), bei Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift 0472869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Biotechnology 9, 84-87 (1991)), bei Remscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15-24 (1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift JP-A-10-229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60 : 512-538 (1996) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Gegenstand der Erfindung sind deshalb auch Expressionskonstrukte, enthaltend unter der genetischen Kontrolle regulativer Nukleinsäuresequenzen eine für ein erfindungsgemäßes Polypeptid kodierende Nukleinsäuresequenz; sowie Vektoren, umfassend wenigstens eines dieser Expressionskonstrukte. Vorzugsweise umfassen solche erfindungsgemäßen Konstrukte 5'-stromaufwärts von der jeweiligen kodierenden Sequenz einen Promotor und 3'-stromabwärts eine Terminatorsequenz sowie gegebenenfalls weitere übliche regulative Elemente, und zwar jeweils operativ verknüpft mit der kodierenden Sequenz. Unter einer „operativen Verknüpfung“ versteht man die sequentielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und gegebenenfalls weiterer regulativer Elemente derart, dass jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann. Beispiele für operativ verknüpfbare Sequenzen sind Aktivierungssequenzen sowie Enhancer und dergleichen. Weitere regulative Elemente umfassen selektierbare Marker, Amplifikationssignale, Replikationsursprünge und dergleichen. Geeignete regulatorische Sequenzen sind z.B. beschrieben in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990).

Zusätzlich zu den artifiziellen Regulationssequenzen kann die natürliche Regulationssequenz

vor dem eigentlichen Strukturgen noch vorhanden sein. Durch genetische Veränderung kann diese natürliche Regulation gegebenenfalls ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht oder erniedrigt werden. Das Genkonstrukt kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es werden keine zusätzlichen Regulationssignale vor das Strukturgen insertiert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wird nicht entfernt. Statt dessen wird die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und die Genexpression gesteigert oder verringert wird. Die Nukleinsäuresequenzen können in einer oder mehreren Kopien im Genkonstrukt enthalten sein.

- 10 Beispiele für brauchbare Promotoren sind: die Promotoren, *ddh*, *amy*, *lysC*, *dapA*, *lysA* aus *Corynebacterium glutamicum*, aber auch gram-positiven Promotoren SPO2 wie sie in *Bacillus Subtilis* and Its Closest Relatives, Sonenshein, Abraham L., Hoch, James A., Losick, Richard; ASM Press, District of Columbia, Washington und Patek M. Eikmanns B.J. Patek J. Sahm H. Microbiology. 142 1297-309, 1996 beschrieben sind, oder aber auch *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp-tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp-lac*-, *lacIq*-, T7-, T5-, T3-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, SP6-,  $\lambda$ -PR- oder im  $\lambda$ -PL-Promotor, die vorteilhafterweise in gram-negativen Bakterien Anwendung finden. Bevorzugt ist auch die Verwendung induzierbarer Promotoren, wie z.B. licht- und insbesondere temperaturinduzierbarer Promotoren, wie der  $P_{P_1}$ -Promotor. Prinzipiell können alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen verwendet werden. Darüber hinaus können auch synthetische Promotoren vorteilhaft verwendet werden.
- 20

Die genannten regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Nukleinsäuresequenzen ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird.

25

Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei vorzugsweise die Expression positiv beeinflussen und dadurch erhöhen oder erniedrigen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

30

Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt durch Fusion eines geeigneten Promotors, einer geeigneten Shine-Dalgarno-Sequenz mit einer metY-Nukleotidsequenz sowie einem geeigneten Terminationssignal. Dazu verwendet man gängige Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in *Current Protocols in Molecular Biology*, 1993, John

35

- Wiley & Sons, Incorporated, New York New York, PCR Methods, Gelfand, David H., Innis, Michael A., Sninsky, John J. 1999, Academic Press, Incorporated, California, San Diego, ., PCR Cloning Protocols, Methods in Molecular Biology Ser., Vol. 192, 2nd ed., Humana Press, New Jersey, Totowa. T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley Interscience (1987) beschrieben sind.
- 5
- 10 Das rekombinante Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt wird zur Expression in einem geeigneten Wirtsorganismus vorteilhafterweise in einen wirtsspezifischen Vektor inseriert, der eine optimale Expression der Gene im Wirt ermöglicht. Vektoren sind dem Fachmann wohl bekannt und können beispielsweise aus "Cloning Vectors" (Pouwels P. H. et al., Hrsg, Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985) entnommen werden. Unter Vektoren sind außer Plasmiden auch
- 15 alle anderen dem Fachmann bekannten Vektoren, wie beispielsweise Phagen, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Cosmide, und lineare oder zirkuläre DNA zu verstehen. Diese Vektoren können autonom im Wirtsorganismus repliziert oder chromosomal repliziert werden.
- Zur Verstärkung wurden erfindungsgemäße metY Gene beispielhaft mit Hilfe von episomalen
- 20 Plasmiden überexprimiert. Als Plasmide eignen sich solche, die in coryneformen Bakterien repliziert werden. Zahlreiche bekannte Plasmidvektoren, wie z. B. pZ1 (Menkel et al., Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554), pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102: 93-98 (1991)) oder pHS2-1 (Sonnen et al., Gene 107: 69-74 (1991)) beruhen auf den kryptischen Plasmiden pHM1519, pBL1 oder pGA1. Andere Plasmidvektoren, wie z. B. pCLiK5MCS, oder
- 25 solche, die auf pCG4 (US-A 4,489,160) oder pNG2 (Serwold-Davis et al., FEMS Microbiology Letters 66, 119-124 (1990)) oder pAG1 (US-A 5,158,891) beruhen, können in gleicher Weise verwendet werden.
- Weiterhin eignen sich auch solche Plasmidvektoren mit Hilfe derer man das Verfahren der Ge-
- 30 namplifikation durch Integration in das Chromosom anwenden kann, so wie es beispielsweise von Remscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60,126-132 (1994)) zur Duplikation bzw. Amplifikation des hom-thrB-Operons beschrieben wurde. Bei dieser Methode wird das vollständige Gen in einen Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise E. coli), nicht aber in C. glutamicum replizieren kann. Als Vektoren kommen beispielsweise pSUP301 (Simon
- 35 et al., Bio/ Technology 1,784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145,69-73 (1994)), Bernard et al., Journal ofMolecular Biology, 234: 534-541 (1993)), pEM1 (Schrumpf et al. 1991, Journal of Bacteriology 173: 4510--4516) oder pBGS8 (Spratt et al., 1986,



Gene 41: 337-342) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zu amplifizierende Gen enthält, wird anschließend durch Transformation in den gewünschten Stamm von *C. glutamicum* überführt. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivan (Biotechnology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123,343-347 (1994)) beschrieben.

Enzyme können durch Mutationen in den korrespondierenden Genen derart in ihrer Aktivität beeinflusst werden, dass es zu einer teilweisen oder vollständigen Verringerung der Reaktionsgeschwindigkeit der enzymatischen Reaktion kommt. Beispiele für solche Mutationen sind dem Fachmann bekannt (Motoyama H. Yano H. Terasaki Y. Anazawa H. Applied & Environmental Microbiology. 67:3064-70, 2001, Eikmanns BJ. Eggeling L. Sahm H. Antonie van Leeuwenhoek. 64:145-63, 1993-94.)

Zusätzlich kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, neben einer Expression bzw. Verstärkung eines erfindungsgemäßen metY-Gen eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, des Cystein-Stoffwechselwegs, der Aspartatsemialdehyd-Synthese, der Glykolyse, der Anaplerotik, des Pentose-Phosphat-Stoffwechsels, des Zitronensäure-Zyklus oder des Aminosäure-Exports zu verstärken.

So kann für die Herstellung von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, eines oder mehrere der folgenden Gene verstärkt sein:

- das für eine Aspartatkinase kodierende Gen lysC (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 281),
- das für eine Aspartatsemialdehyd Dehydrogenase kodierende Gen asd (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 282),
- das für die Glycerinaldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen gap (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende Gen pgk (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen pyc (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die Triosephosphat Isomerase kodierende Gen tpi (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierende Gen metA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 725),
- das für die Cystathionin-gamma-Synthase kodierende Gen metB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3491),

- das für die Cystahionin-gamma-Lyase kodierende Gen metC (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3061),
- das für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierende Gen glyA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 1110),
- 5 - das für die MethioninSynthase kodierende Gen methH (EP 1 108 790 A2),
- das für die Methylentetrahydrofolat-Reduktase kodierende Gen metF (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2379),
- das für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierende Gen serC (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 928)
- 10 - eines für die Phosphoserin-Phosphatase kodierende Gen serB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 334, DNA-SEQ NO. 467, DNA-SEQ NO. 2767)
- das für die Serine Acetyl-Transferase kodierende Gen cysE (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2818)
- das für eine Homoserin-Dehydrogenase kodierende Gen hom (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ
- 15 NO. 1306)

So kann für die Herstellung von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, in coryneformen Bakterien, vorteilhaft sein, gleichzeitig wenigstens eines der nachfolgenden Gene zu mutieren, so dass die korrespondierenden Proteine, verglichen mit nicht mutierten Proteinen,

20 in geringerem Maße oder nicht durch einen Stoffwechselmetaboliten in ihrer Aktivität beeinflusst werden:

- das für eine Aspartatkinase kodierende Gen lysC (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 281),
- das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen pyc (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology
- 25 174: 6076-6086),
- das für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierende Gen metA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 725),
- das für die Cystahionin-gamma-Synthase kodierende Gen metB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3491),
- 30 - das für die Cystahionin-gamma-Lyase kodierende Gen metC (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3061),
- das für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierende Gen glyA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 1110),
- das für die Methionin Synthase kodierende Gen methH (EP 1 108 790 A2),
- 35 - das für die Methylentetrahydrofolat-Reduktase kodierende Gen metF (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2379),
- das für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierende Gen serC (EP 1 108 790 A2; DNA-

SEQ NO. 928)

- eines für die Phosphoserin-Phosphatase kodierende Gen *serB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 334, DNA-SEQ NO. 467, DNA-SEQ NO. 2767)

- das für die Serine Acetyl-Transferase kodierende Gen *cysE* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2818)

- das für eine Homoserin-Dehydrogenase kodierende Gen *hom* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 1306)

Weiterhin kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, zusätzlich zur Expression bzw. Verstärkung eines der erfindungsgemäßen *metY*-Gene eines oder mehrere der folgenden Gene abzuschwächen, insbesondere deren Expression zu verringern, oder auszuschalten:

- das für die Homoserine-Kinase kodierende Gen *thrB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3453)

- das für die Threonin Dehydratase kodierende Gen *ilvA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2328)

- das für die Threonin Synthase kodierende Gen *thrC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3486)

- das für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierende Gen *ddh* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3494)

- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen *pck* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3157)

- das für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierende Gen *pgi* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 950)

- das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen *poxB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2873)

- das für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierende Gen *dapA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3476)

- das für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierende Gen *dapB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3477)

- das für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierende Gen *lysA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3451)

Weiterhin kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, zusätzlich zur Expression bzw. Verstärkung eines der erfindungsgemäßen *metY*-Gene in Coryneformen Bakterien gleichzeitig wenigstens eines der folgenden Gene so zu mutieren, dass die enzymatische Aktivität des korrespondierenden Proteins teilweise oder vollständig verringert wird:

- das für die Homoserine-Kinase kodierende Gen thrB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3453)
- das für die Threonin Dehydratase kodierende Gen ilvA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2328)
- das für die Threonin Synthase kodierende Gen thrC (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3486)
- 5 - das für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierende Gen ddh (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3494)
- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3157)
- das für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierende Gen pgi (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 950)
- 10 - das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2873)
- das für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierende Gen dapA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3476)
- das für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierende Gen dapB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3477)
- 15 - das für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierende Gen lysA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3451)

20 Weiterhin kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, neben der Expression bzw. Verstärkung eines erfindungsgemäßen metY-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Microorganisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

25 Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch- Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zur Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozeßtechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) zu finden.

30

Das zu verwendende Kulturmedium hat in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme zu genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind

35 im Handbuch "Manual of Methods für General Bacteriology" der American Society für Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981) enthalten.

Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Medien umfassen gewöhnlich eine oder mehreren Kohlenstoffquellen, Stickstoffquellen, anorganische Salze, Vitamine und/oder Spurenelemente.

Bevorzugte Kohlenstoffquellen sind Zucker, wie Mono-, Di- oder Polysaccharide. Sehr gute Kohlenstoffquellen sind beispielsweise Glucose, Fructose, Mannose, Galactose, Ribose, Sorbose, Ribulose, Lactose, Maltose, Saccharose, Raffinose, Stärke oder Cellulose. Man kann Zucker auch über komplexe Verbindungen, wie Melassen, oder andere Nebenprodukte der Zucker-Raffinierung zu den Medien geben. Es kann auch vorteilhaft sein, Gemische verschiedener Kohlenstoffquellen zuzugeben. Andere mögliche Kohlenstoffquellen sind Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnußöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure oder Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin, Methanol oder Ethanol und organische Säuren wie z. B. Essigsäure oder Milchsäure.

Stickstoffquellen sind gewöhnlich organische oder anorganische Stickstoffverbindungen oder Materialien, die diese Verbindungen enthalten. Beispielhafte Stickstoffquellen umfassen Ammoniak-Gas oder Ammoniumsalze, wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat oder Ammoniumnitrat, Nitrate, Harnstoff, Aminosäuren oder komplexe Stickstoffquellen, wie Maisquellwasser, Sojamehl, Sojaprotein, Hefeextrakt, Fleischextrakt und andere. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Anorganische Salzverbindungen, die in den Medien enthalten sein können, umfassen die Chlorid-, Phosphor- oder Sulfatsalze von Calcium, Magnesium, Natrium, Kobalt, Molybdän, Kalium, Mangan, Zink, Kupfer und Eisen

Als Schwefelquelle für die Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere von Methionin, können anorganische schwefelhaltige Verbindungen wie beispielsweise Sulfate, Sulfite, Dithionite, Tetrathionate, Thiosulfate, Sulfide aber auch organische Schwefelverbindungen, wie Mercaptane und Thiole, verwendet werden.

Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden.

Chelatbildner können zum Medium gegeben werden, um die Metallionen in Lösung zu halten. Besonders geeignete Chelatbildner umfassen Dihydroxyphenole, wie Catechol oder Protocatechuat, oder organische Säuren, wie Citronensäure.

Die erfindungsgemäß eingesetzten Fermentationsmedien enthalten üblicherweise auch andere

Wachstumsfaktoren, wie Vitamine oder Wachstumsförderer, zu denen beispielsweise Biotin, Riboflavin, Thiamin, Folsäure, Nikotinsäure, Panthothenat und Pyridoxin gehören. Wachstumsfaktoren und Salze stammen häufig von komplexen Medienkomponenten, wie Hefeextrakt, Melassen, Maisquellwasser und dergleichen. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genaue Zusammensetzung der Medienverbindungen hängt stark vom jeweiligen Experiment ab und wird für jeden spezifischen Fall individuell entschieden. Information über die Medienoptimierung ist erhältlich aus dem Lehrbuch "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach" (Hrsg. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) S. 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Wachstumsmedien lassen sich auch von kommerziellen Anbietern beziehen, wie Standard 1 (Merck) oder BHI (Brain heart infusion, DIFCO) und dergleichen.

Sämtliche Medienkomponenten werden, entweder durch Hitze (20 min bei 1,5 bar und 121°C) oder durch Sterilfiltration, sterilisiert. Die Komponenten können entweder zusammen oder nötigenfalls getrennt sterilisiert werden. Sämtliche Medienkomponenten können zu Beginn der Anzucht zugegen sein oder wahlfrei kontinuierlich oder chargenweise hinzugegeben werden.

Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise zwischen 15°C und 45°C, vorzugsweise bei 25°C bis 40°C und kann während des Experimentes konstant gehalten oder verändert werden. Der pH-Wert des Mediums sollte im Bereich von 5 bis 8,5, vorzugsweise um 7,0 liegen. Der pH-Wert für die Anzucht läßt sich während der Anzucht durch Zugabe von basischen Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure kontrollieren. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel, wie z. B. Fettsäurepolyglykolester, eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe, wie z. B. Antibiotika, hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoffhaltige Gasmischungen, wie z. B. Umgebungsluft, in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die so erhaltenen, insbesondere L-Methionin enthaltenden, Fermentationsbrühen haben üblicherweise eine Trockenmasse von 7,5 bis 25 Gew.-%.

Vorteilhaft ist außerdem auch, wenn die Fermentation zumindest am Ende, insbesondere jedoch über mindestens 30% der Fermentationsdauer zuckerlimitiert gefahren wird. Das heißt, dass während dieser Zeit die Konzentration an verwertbarem Zucker im Fermentationsmedium auf  $\geq 0$  bis 3 g/l gehalten, beziehungsweise abgesenkt wird.

Die Fermentationsbrühe wird anschließend weiterverarbeitet. Je nach Anforderung kann die Biomasse ganz oder teilweise durch Separationsmethoden, wie z. B. Zentrifugation, Filtration, Dekantieren oder einer Kombination dieser Methoden aus der Fermentationsbrühe entfernt oder  
5 vollständig in ihr belassen werden.

Anschließend kann die Fermentationsbrühe mit bekannten Methoden, wie z. B. mit Hilfe eines Rotationsverdampfers, Dünnschichtverdampfers, Fallfilmverdampfers, durch Umkehrosmose, oder durch Nanofiltration, eingedickt beziehungsweise aufkonzentriert werden. Diese aufkon-  
10 zentrierte Fermentationsbrühe kann anschließend durch Gefriertrocknung, Sprühtrocknung, Sprühgranulation oder durch anderweitige Verfahren aufgearbeitet werden.

Es ist aber auch möglich die schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, weiter aufzureinigen. Hierzu wird die produkthaltige Brühe nach dem Abtrennen der Biomasse einer  
15 Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Produkt oder die Verunreinigungen ganz oder teilweise auf dem Chromatographieharz zurückgehalten werden. Diese Chromatographieschritte können nötigenfalls wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl der geeigneten Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung bewandert. Das gereinigte  
20 Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.

Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindung(en) kann durch Techniken des Standes der Technik bestimmt werden. Diese umfassen Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC),  
25 spektroskopische Verfahren, Färbeverfahren, Dünnschichtchromatographie, NIRS, Enzymtest oder mikrobiologische Tests. Diese Analyseverfahren sind zusammengefaßt in: Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140; Malakhova et al. (1996) Biotekhnologiya 11 27-32; und Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70. Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89-90, S. 521-540, S. 540-547, S. 559-566, 575-  
30 581 und S. 581-587; Michal, G (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A. et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17.

Die Erfindung wird nun anhand der folgenden nicht-limitierenden Beispiele und unter Bezug-  
35 nahme auf beiliegende Figuren näher beschrieben. Dabei zeigt

Figur 1 die Plasmidkarte zu Plasmid pClysC;

Figur 2 die Plasmidkarte zu Plasmid pCISlysCthr311ile;

Figur 3 die Plasmidkarte zu Plasmid pCPhsdhmetY\_Mt.

Restriktionsschnittstellen mit der entsprechenden Positionsangabe in Klammern sind in den Plasmidkarten angegeben. Wesentliche Sequenzabschnitte sind fettgedruckt beschrieben.

5 KanR steht für Kanamycin-Restistenzgen; ask steht für Aspartatkinasegen

### Beispiel 1: Konstruktion von pCLiK5MCS

10 Zunächst wurden Ampicillinresistenz und Replikationsursprung des Vektors pBR322 mit den Oligonukleotiden p1.3 (SEQ ID NO:55) und p2.3 (SEQ ID NO:56) mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert.

p1.3 (SEQ ID NO:55)

15 5'-CCCGGGATCCGCTAGCGGCGCGCCGGCCGGCCCGGTGTGAAATACCGCACAG-3'

p2.3 (SEQ ID NO:56)

5'-TCTAGACTCGAGCGGCCGCGGCCGGCCTTTAAATTGAAGACGAAAGGGCCTCG-3'

20 Neben den zu pBR322 komplementären Sequenzen, enthält das Oligonukleotid p1.3 (SEQ ID NO:55) in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen SmaI, BamHI, NheI und AscI und das Oligonukleotid p2.3 (SEQ ID NO:56) in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen XbaI, XhoI, NotI und DraI. Die PCR Reaktion wurde nach Standardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchgeführt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 2,1 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Die stumpfen Enden des DNA-Fragmentes wurden mit dem Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers miteinander ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, 30 Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Ampicillin (50µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

35 Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK1.



Ausgehend vom Plasmid pWLT1 (Liebl et al., 1992) als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotiden neo1 (SEQ ID NO:57) und neo2 (SEQ ID NO:58) eine Kanamycin-Resistenzcassette amplifiziert.

5

neo1 (SEQ ID NO:57):

5'-GAGATCTAGACCCGGGGATCCGCTAGCGGGCTGCTAAAGGAAGCGGA-3'

neo2 (SEQ ID NO:58):

10 5'-GAGAGGCGCGCCGCTAGCGTGGGCGAAGAACTCCAGCA-3'

Neben den zu pWLT1 komplementären Sequenzen, enthält das Oligonukleotid neo1 in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen XbaI, SmaI, BamHI, NheI und das Oligonukleotid neo2 (SEQ ID NO:58) in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen AscI und NheI. Die PCR Reaktion wurde nach Standardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchgeführt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 1,3 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Das DNA-Fragment wurde mit den Restriktionsendonukleasen XbaI und AscI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und im Anschluß daran erneut mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Der Vektor pCLiK1 wurde ebenfalls mit den Restriktionsendonukleasen XbaI und AscI geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde der linearisierte Vektor (ca. 2,1kb) mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem geschnittenen PCR Fragment ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Ampicillin (50µg/ml) und Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

35 Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so

erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK2.

Der Vektor pCLiK2 wurde mit der Restriktionsendonuklease DraI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde ein ca. 2,3 kb  
5 großes Vektorfragment mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers religiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben (1989)), in kompetente E.coli XL-  
10 1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so  
15 erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK3.

Ausgehend vom Plasmid pWLQ2 (Liebl et al., 1992) als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotiden cg1 ((SEQ ID NO:59) und cg2 (SEQ ID NO:60) der Replikationsursprung pHM1519 amplifiziert.  
20

cg1 (SEQ ID NO:59):

5'-GAGAGGGCGGCCGCGCAAAGTCCCGCTTCGTGAA-3'

25 cg2 (SEQ ID NO:60):

5'-GAGAGGGCGGCCGCTCAAGTCGGTCAAGCCACGC-3'

Neben den zu pWLQ2 komplementären Sequenzen, enthalten die Oligonukleotide cg1 (SEQ ID NO:59) und cg2 (SEQ ID NO:60) Schnittstellen für die Restriktionsendonuklease NotI. Die PCR  
30 Reaktion wurde nach Standardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchgeführt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 2,7 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Das DNA-Fragment wurde mit der Restriktionsendonuklease NotI  
35 (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und im Anschluß daran erneut mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben

des Herstellers gereinigt. Der Vektor pCLiK3 wurde ebenfalls mit der Restriktionsendonuklease NotI geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics, Mannheim)) nach Angaben des Herstellers dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde der linearisierte Vektor (ca. 2,3kb) mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem geschnittenen PCR Fragment ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK5.

Für die Erweiterung von pCLiK5 um eine „multiple cloning site“ (MCS) wurden die beide synthetischen, weitestgehend komplementären Oligonukleotide HS445 ((SEQ ID NO:61) und HS446 (SEQ ID NO:62), die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen SwaI, XhoI, AatI, ApaI, Asp718, MluI, NdeI, SpeI, EcoRV, Sall, ClaI, BamHI, XbaI und SmaI enthalten, durch gemeinsames Erhitzen auf 95°C und langsames Abkühlen zu einem doppelsträngigen DNA-Fragment vereinigt.

HS445 (SEQ ID NO:61):

5'-TCGAATTAAATCTCGAGAGGCCTGACGTCGGGCCCGGTACCACGCGTCATATGACTAG  
TTCGGACCTAGGGATATCGTCGACATCGATGCTCTTCTGCGTTAATTAACAATTGGGATCC  
TCTAGACCCGGGATTAAAT-3'

HS446 (SEQ ID NO:62):

5'-GATCATTAAATCCCGGGTCTAGAGGATCCCAATTGTTAATTAACGCAGAAGAGCATCGA  
TGTCGACGATATCCCTAGGTCCGAAGTAGTCATATGACGCGTGGTACCGGGCCCGACGTC  
AGGCCTCTCGAGATTAAAT-3'

Der Vektor pCLiK5 wurde mit den Restriktionsendonuklease XhoI und BamHI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (I (Roche Diagnostics, Mannheim)) nach Angaben des Herstellers dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem

0,8%igen Agarosegel wurde der linearisierte Vektor (ca. 5,0 kb) mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem synthetischen Doppelsträngigen DNA-Fragment ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK5MCS.

Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierreaktionen wurden mittels ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet.

Das entstandene Plasmid pCLiK5MCS ist als SEQ ID NO: 65 aufgeführt.

#### **Beispiel 2: Konstruktion von pCLiK5MCS integrativ sacB**

Ausgehend vom Plasmid pK19mob (Schäfer et al., Gene 145,69-73(1994)) als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotiden BK1732 und BK1733 das Bacillus subtilis sacB Gen (kodierend für Levan Sucrase) amplifiziert.

BK1732 (SEQ ID NO:63):

5'-GAGAGCGGCCGCGGATCCTTTTAAACCCATCAC-3'

BK1733 (SEQ ID NO:64):

5'-AGGAGCGGCCGCGCATCGGCATTTTCTTTTGCG-3'

Neben den zu pEK19mobsac komplementären Sequenzen, enthalten die Oligonukleotide BK1732 und BK1733 Schnittstellen für die Restriktionsendonuklease NotI. Die PCR Reaktion wurde nach Standardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchge-

führt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 1,9 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Das DNA-Fragment wurde mit der Restriktionsendonuklease NotI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und im Anschluß daran erneut mit dem  
5 GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt.

Der Vektor pCLiK5MCS (hergestellt gemäß Beispiel 1) wurde ebenfalls mit der Restriktionsendonuklease NotI geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (I (Roche Diagnostics, Mannheim)) nach Angaben des Herstellers dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen  
10 Agarosegel wurde ein ungefähr 2,4 kb großes Vektorfragment mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem geschnittenen PCR Fragment ligiert und der  
15 Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

20 Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK5MCS integrativ sacB.

Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierreaktionen wurden mittels  
25 ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet.

Das entstandene Plasmid pCLiK5MCS integrativ sacB ist als SEQ ID NO: 66 aufgeführt.

30 Weitere Vektoren die zur erfindungsgemäßen Expression oder Überproduktion von metY-Genen geeignet sind, können in analoger Weise hergestellt werden.

### **Beispiel 3: Isolierung des lysC Gens aus dem C. glutamicum Stamm LU1479**

35 Im ersten Schritt der Stammkonstruktion soll ein allelischer Austausch des lysC Wildtypgens, kodierend für das Enzym Aspartatkinase, in C. glutamicum ATCC13032, im folgenden LU1479

genannt, durchgeführt werden. Dabei soll im LysC Gen ein Nukleotidaustausch durchgeführt werden, so dass im resultierenden Protein die Aminosäure Thr an der Position 311 durch die Aminosäure Ile ausgetauscht ist.

5 Ausgehend von der chromosomalen DNA aus LU1479 als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotidprimern SEQ ID NO:67 und SEQ ID NO:68 lysC mit Hilfe des Pfu-Turbo PCR Systems (Stratagene USA) nach Angaben des Herstellers amplifiziert. Chromosomale DNA aus *C. glutamicum* ATCC 13032 wurde nach Tauch et al. (1995) Plasmid 33:168-179 oder Eikmanns et al. (1994) Microbiology 140:1817-1828 präpariert. Das amplifizierte Fragment wird an seinem 5'-Ende von einem Sall Restriktionsschnitt und an seinem 3'-Ende von einem MluI Restriktionsschnitt flankiert. Vor der Klonierung wurde das amplifizierte Fragment durch diese beiden Restriktionsenzyme verdaut und mit GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) aufgereinigt.

15 SEQ ID NO:67  
5'-GAGAGAGAGACGCGTCCCAGTGGCTGAGACGCATC -3'

SEQ ID NO:68  
5'-CTCTCTCTGTGCGACGAATTCAATCTTACGGCCTG-3'

20

Das erhaltene Polynukleotid wurde über die Sall und MluI Restriktionsschnitte in pCLIK5 MCS integrativ SacB (im folgenden pCIS genannt; SEQ ID NO: 66 aus Beispiel 2) kloniert und in *E. coli* XL-1 blue transformiert. Eine Selektion auf Plasmid-tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20 µg/ml)-haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht. Das Plasmid wurde isoliert und durch Sequenzierung die erwartete Nukleotidsequenz bestätigt. Die Präparation der Plasmid-DNA wurde nach Methoden und mit Materialien der Firma Qiagen durchgeführt. Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierungsreaktionen wurden mittels ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet. Das erhaltene Plasmid pCIS lysC ist als SEQ ID NO:69 aufgeführt. Die entsprechende Plasmidkarte ist in Figur 1 dargestellt.

30

Die Sequenz SEQ ID NO:69 umfasst die folgenden wesentlichen Teilbereiche:

LOCUS pCIS\lysC 5860 bp DNA circular

35 FEATURES Location/Qualifiers

CDS<sup>1)</sup> 155..1420

/vntifkey="4"

```

        /label=lysC
CDS      complement2)(3935..5356)
        /vntifkey="4"
        /label=sacB\Bacillus\subtilis)
5  promoter complement(5357..5819)
        /vntifkey="30"
        /label=Promotor\sacB
C_region complement(3913..3934)
        /vntifkey="2"
10  /label=sacB\downstreambereich
CDS      1974..2765
        /vntifkey="4"
        /label=Kan\R
CDS      complement(3032..3892)
15  /vntifkey="4"
        /label=Ori\EC\pMB)

```

<sup>1)</sup> kodierende Sequenz

<sup>2)</sup> auf Komplementärstrang

#### 20 **Beispiel 4: Mutagenese des lysC Gens aus C. glutamicum**

Die gerichtete Mutagenese des lysC Gens aus C. glutamicum (Beispiel 3) wurde mit dem QuickChange Kit (Fa. Stratagene/USA) nach Angaben des Herstellers durchgeführt. Die Mutagenese wurde im Plasmid pCIS lysC, SEQ ID NO:69 durchgeführt. Für den Austausch von thr311 nach 311ile mit Hilfe der Quickchange Methode (Stratagene) wurden folgende Oligonukleotidprimer synthetisiert

SEQ ID NO:70

5'-CGGCACCACCGACATCATCTTCACCTGCCCTCGTTCCG -3'

30 SEQ ID NO:71

5'-CGGAACGAGGGCAGGTGAAGATGATGTCGGTGGTGCCG -3'

Der Einsatz dieser Oligonukleotidprimer in der Quickchange Reaktion führt in dem lysC Gen zu einem Austausch des Nukleotids in Position 932 (von C nach T) (vgl. SEQ ID NO:72) und im korrespondierenden Enzym zu einem Aminosäuresubstitution in Position 311 (Thr→Ile) (vgl. SEQ ID NO:73). Der resultierende Aminosäureaustausch Thr311Ile im lysC Gen wurde nach Transformation in E.coli XL1-blue und Plasmidpräparation durch Sequenzierung bestätigt. Das

Plasmid erhielt die Bezeichnung pCIS lysC thr311ile und ist als SEQ ID NO:74 aufgeführt. Die entsprechende Plasmidkarte ist in Figur 2 dargestellt.

- 5 Die Sequenz SEQ ID NO:74 umfasst die folgenden wesentlichen Teilbereiche:

	LOCUS	pCIS\lysC\thr311ile	5860 bp	DNA	circular
	FEATURES	Location/Qualifiers			
	CDS <sup>1)</sup>	155..1420			
10		/vntifkey="4"			
		/label=lysC			
	CDS	complement <sup>2)</sup> (3935..5356)			
		/vntifkey="4"			
		/label=sacB\Bacillus\subtilis			
15	promoter	complement(5357..5819)			
		/vntifkey="30"			
		/label=Promotor\sacB			
	C_region	complement(3913..3934)			
		/vntifkey="2"			
20		/label=sacB\downstreambereich			
	CDS	1974..2765			
		/vntifkey="4"			
		/label=Kan\R			
25	CDS	complement(3032..3892)			
		/vntifkey="4"			
		/label=Ori\EC\pMB			

<sup>1)</sup> kodierende Sequenz

<sup>2)</sup> auf Komplementärstrang

- 30 Das Plasmid pCIS lysC thr311ile wurde in *C. glutamicum* LU1479 mittels Elektroporation wie bei Liebl, et al. (1989) FEMS Microbiology Letters 53:299-303 beschrieben, transformiert. Modifikationen des Protokolls sind in DE-A-10046870 beschrieben. Die chromosomale Anordnung des lysC-Lokus einzelner Transformanten wurde mit Standardmethoden durch Southernblot und Hybridisierung, wie in Sambrook et al. (1989), Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben, überprüft. Dadurch wurde sichergestellt, dass es sich bei den
- 35 Transformanten um solche handelt, die das transformierte Plasmid durch homologe Rekombination am lysC-Lokus integriert haben. Nach Wachstum solcher Kolonien über Nacht in Medien, die kein Antibiotikum enthielten, wurden die Zellen auf ein Saccharose-CM-Agarmedium (10%



Saccharose) ausplattiert und bei 30°C für 24 Stunden inkubiert.

Da das im Vektor pCIS lysC thr311ile enthaltende sacB Gen Saccharose in ein toxisches Produkt umwandelt, können nur solche Kolonien anwachsen, die das sacB Gen durch einen zweiten homologen Rekombinationsschritt zwischen dem Wildtyp lysC Gen und dem mutierten Gen lysC thr311ile deletiert haben. Während der homologen Rekombination kann entweder das Wildtyp Gen oder das mutierte Gen zusammen mit dem sacB Gen deletiert werden. Wenn das sacB Gen zusammen mit dem Wildtyp Gen entfernt wird, resultiert eine mutierte Transformante.

Anwachsende Kolonien wurden gepickt, und auf eine Kanamycin-sensitiven Phänotyp hin untersucht. Klone mit deletiertem SacB Gen müssen gleichzeitig Kanamycin-sensitives Wachstumsverhalten zeigen. Solche Kan-sensitiven Klone wurde im einem Schüttelkolben auf ihre Lysin-Produktivität hin untersucht (siehe Beispiel 6). Zum Vergleich wurde der nichtbehandelte Stamm LU1479 angezogen. Klone mit einer gegenüber der Kontrolle erhöhten Lysin-Produktion wurden selektiert, chromosomale DNA wurde gewonnen und der entsprechende Bereich des lysC Gens wurde durch eine PCR-Reaktion amplifiziert und sequenziert. Ein solcher Klon mit der Eigenschaft erhöhter Lysin-Synthese und nachgewiesener Mutation in lysC an der Stelle 932 wurde mit LU1479 lysC 311ile bezeichnet).

#### Beispiel 5: Herstellung Ethionin-resistenter C. glutamicum Stämme

Im zweiten Schritt der Stammkonstruktion wurde der erhaltene Stamm LU1479 lysC 311ile (Beispiel 4) behandelt, um eine Ethionin-Resistenz (Kase, H. Nakayama K.Agr. Biol. Chem. 39 153-106 1975 L-methionine production by methionine analog-resistant mutants of Corynebacterium glutamicum) zu induzieren: Eine Übernachtskultur in BHI-Medium (Difco) wurde in Citratpuffer (50mM pH 5,5) gewaschen und bei 30°C für 20 min mit N-Methyl-nitrosoguanidin (10mg/ml in 50mM Citrat pH5,5) behandelt. Nach der Behandlung mit dem chemischen Mutagen N-Methyl-nitrosoguanidin wurden die Zellen gewaschen (Citratpuffer 50mM pH 5,5) und auf ein Medium plattiert, das aus folgenden Komponenten, berechnet auf 500ml, zusammengesetzt war: 10g (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 0.5g KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 0.5g K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, 0.125g MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O, 21g MOPS, 50mg CaCl<sub>2</sub>, 15mg Proteokatechuat, 0,5mg Biotin, 1mg Thiamin, 5g/l D,L-Ethionin (Sigma Chemicals Deutschland), pH 7,0. Außerdem enthielt das Medium 0.5ml einer Spurensalzlösung aus: 10g/l FeSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O, 1g/l MnSO<sub>4</sub>·H<sub>2</sub>O, 0.1g/l ZnSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O, 0.02g/l CuSO<sub>4</sub>, 0.002g/l NiCl<sub>2</sub>·6H<sub>2</sub>O, Alle Salze wurden in 0,1M HCl gelöst. Das fertig zusammengestellte Medium wurde sterilfiltriert und nach Zugabe von 40ml steriler 50% Glucoselösung, mit flüssigem sterilem Agar in einer Endkonzentration von 1,5% Agar versetzt und in Kulturschalen ausgegossen.

Auf Platten mit dem beschriebenen Medium wurden mutagenisierte Zellen aufgebracht und 3-7 Tage bei 30°C inkubiert. Erhaltene Klone wurden isoliert, mindestens einmal auf dem Selektionsmedium vereinzelt und dann auf ihre Methionin-Produktivität in einem Schüttelkolben in Medium II untersucht (siehe Beispiel 6

5

**Beispiel 6:** Herstellung von Methionin mit dem Stamm LU1479 lysC 311ile ET-16.

Die in Beispiel 5 hergestellten Stämme wurden auf einer Agar-Platte mit CM-Medium für 2 Tag bei 30°C angezogen.

10 CM-Agar:

10,0 g/l D-Glucose, 2,5 g/l NaCl, 2,0 g/l Hamstoff, 10,0 g/l Bacto Pepton (Difco), 5,0 g/l Yeast Extract (Difco), 5,0 g/l Beef Extract (Difco), 22,0 g/l Agar (Difco), autoklaviert (20 min., 121°C)

15 Anschließend wurden die Zellen von der Platte abgekratzt und in Saline resuspendiert. Für die Hauptkultur wurden 10 ml Medium II und 0,5 g autoklaviertes  $\text{CaCO}_3$  (Riedel de Haen) in einem 100 ml Erlenmeyerkolben mit der Zellsuspension bis zu einer OD600nm von 1,5 beimpft und für 72h auf einem Orbitalschüttler mit 200 Upm bei 30°C inkubiert.

20 Medium II:

40g/l Saccharose

60g/l Melasse (auf 100% Zuckergehalt berechnet)

10g/l  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$

0.4g/l  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$

25 0.6g/l  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ 

0.3mg/l Thiamin\*HCl

1mg/l Biotin (aus einer 1 mg/ml steril filtrierten Stammlösung die mit  $\text{NH}_4\text{OH}$  auf pH 8,0 eingestellt wurde)

2mg/l  $\text{FeSO}_4$

30 2mg/l  $\text{MnSO}_4$ 

mit  $\text{NH}_4\text{OH}$  auf pH 7,8 eingestellt, autoklaviert (121°C, 20 min). Zusätzlich wird Vitamin B12 (Hydroxycobalamin Sigma Chemicals) aus einer Stammlösung (200 µg/ml, steril filtriert) bis zu einer Endkonzentration von 100 µg/l zugegeben

35 Gebildetes Methionin, sowie andere Aminosäuren in der Kulturbrühe wurde mit Hilfe der Aminosäuresäure-Bestimmungsmethode von Agilent auf einer Agilent 1100 Series LC System

HPLC. Eine Derivatisierung vor der Säulentrennung mit Ortho-Phthalaldehyd erlaubte die Quantifizierung der gebildeten Aminosäuren. Die Auftrennung des Aminosäuregemisch fand auf einer Hypersil AA-Säule (Agilent) statt.

- 5 Solche Klone wurden isoliert, deren Methionin-Produktivität mindestens doppelt so hoch war, wie die des Ausgangsstamm LU1479 lysC 311ile. Ein solcher Klon wurde für die weiteren Versuche eingesetzt und bekam die Bezeichnung LU1479 lysC 311ile ET-16.

10 **Beispiel 7:** Klonierung von metY aus *Mycobacterium tuberculosis* und Klonierung in das Plasmid pC Phsdh metY\_Mt

Chromosomale DNA von *Mycobacterium tuberculosis* wurde von der American Type Strain Culture Collection (ATCC, Atlanta-USA) aus dem Stamm ATCC 25584 bezogen. Chromosomale DNA aus *C. glutamicum* ATCC 13032 wurde nach Tauch et al. (1995) Plasmid 33:168-179 oder Eikmanns et al. (1994) Microbiology 140:1817-1828 präpariert.

Mit den Oligonukleotidprimer SEQ ID NO:75 und SEQ ID NO:76, der chromosomalen DNA aus *C. glutamicum* als Template und Pfu Turbo Polymerase (Fa. Stratagene) wurde mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) nach Standardmethoden wie Innis et al. (1990) PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press ein DNA Fragment von ca. 180 Basenpaaren aus dem nichtkodierenden 5'-Bereich (Promotorregion) der Homoserindehydrogenase (HsDH) amplifiziert. Das amplifizierte Fragment ist an seinem 5'-Ende von einer BamHI-Restriktionsschnittstelle und am 3'-Ende von einem über das Oligo eingeführten zu metY aus *Mycobacterium tuberculosis* homologen Bereich flankiert.

25

SEQ ID NO:75

5'-GAGAGGATCCGGAAGGTGAATCGAATTTCGG -3'

und

SEQ ID NO:76

30

5'-CTATTGCTGTCGGCGCTCATGATTCTCCAAAATAATCGC -3'

Das erhaltene DNA Fragment wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt.

- 35 Ausgehend von der chromosomalen DNA aus *Mycobacterium tuberculosis* als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotidprimern SEQ ID NO:77 und SEQ ID NO:78 metY mit

Hilfe des GC-RICH PCR Systems (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers amplifiziert. Das amplifizierte Fragment ist an seinem 3'-Ende von einer XbaI-Restriktionsschnittstelle, die über das Oligo eingeführt wurde, flankiert.

5 SEQ ID NO:77

5'-ATGAGCGCCGACAGCAATAG -3'

und

SEQ ID NO:78

5'-GAACTCTAGATCAGAACGCCGCCACGGAC -3'

10

Das ca. 1,4 kb große erhaltene DNA Fragment wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt.

15

In einer weiteren PCR Reaktion wurden die beiden oben erhaltenen Fragmente gemeinsam als Template eingesetzt. Durch die mit dem Oligonukleotidprimer SEQ ID NO:76 eingebrachte, zu dem metY Fragment homologen Bereichen, kommt es im Zuge der PCR-Reaktion zu einer Anlagerung beider Fragmente aneinander und einer Verlängerung zu einem durchgehenden DNA-Strang durch die eingesetzte Polymerase. Die Standardmethode wurde dahingehend modifiziert, dass die verwendeten Oligonukleotidprimer SEQ ID NO:75 und SEQ ID NO:78 erst mit Beginn des 2. Zykluses dem Reaktionsansatz zugegeben wurden.

20

25

Das amplifizierte DNA Fragment von ungefähr 1,6 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit nach Angaben des Herstellers gereinigt. Im Anschluß daran wurde es mit den Restriktionsenzymen BamHI und XbaI (Roche Diagnostics, Mannheim) gespalten und gelelektrophoretisch aufgetrennt. Anschließend wurde das ca. 1,6 kb große DNA Fragment mit GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) aus der Agarose aufgereinigt.

30

Der Vektor pClik5MCS SEQ ID NO:65, im folgenden pC genannt, wurde mit den Restriktionsenzymen BamHI und XbaI (Roche Diagnostics, Mannheim) geschnitten und ein 5 kb großes Fragment nach elektrophoretischer Auftrennung mit GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit isoliert.

35

Das Vektorfragment wurde zusammen mit dem geschnittenen und aufgereinigten PCR-Fragment mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al.

(Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente *E.coli* XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

5

Die Präparation der Plasmid DNA wurde nach Methoden und mit Materialien der Fa. Quiagen durchgeführt. Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierreaktionen wurden mittels ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet.

10

Das entstandene Plasmid pC Phsdh metY\_Mt (*Mycobacterium tuberculosis*) ist als SEQ ID NO:79 aufgeführt. Die entsprechende Plasmidkarte ist in Figur 3 dargestellt.

Die Sequenz SEQ ID NO:79 umfasst die folgenden wesentlichen Teilbereiche:

15

LOCUS pC\Phsdh\metY\_Mt 6591 bp DNA circular 21-JUL-2003

FEATURES	Location/Qualifiers
CDS	156..1505
	/vntifkey="4"
	/label=metY\aus\M\tuberculosis
CDS	1855..2646
	/vntifkey="4"
	/label=Kan\R
CDS	4927..6048
	/vntifkey="4"
	/label=Rep\Protein
CDS	3919..4593
	/vntifkey="4"
	/label=ORF\1
CDS	complement(2913..3773)
	/vntifkey="4"
	/label=Ori\EC\pMB)

35

**Beispiel 8:** Transformation des Stammes LU1479 lysC 311ile ET-16 mit dem Plasmid pC Phsdh metY\_Mt

Der Stamm LU1479 lysC 311ile ET-16 wurde mit dem Plasmid pC Phsdh metY\_Mt nach der

beschriebenen Methode (Liebl, et al. (1989) FEMS Microbiology Letters 53:299-303) transformiert. Die Transformationsmischung wurde auf CM-Platten plattiert, die zusätzlich 20mg/l Kanamycin enthielten, um eine Selektion auf Plasmid-haltige Zellen zu erreichen. Erhaltene Kanamycin-resistente Klone wurden gepickt und vereinzelt. Die Methionin-Produktivität der Klone wurde in  
5 einem Schüttelkolbenversuch (s. Beispiel 6) untersucht. Der Stamm LU1479 lysC 311ile ET-16 pC Phsdh metY\_Mt produzierte im Vergleich zu LU1479 lysC 311ile ET-16 signifikant mehr Methionin.

Patentansprüche

1. Verfahren zur fermentativen Herstellung wenigstens einer schwefelhaltigen  
5 Feinchemikalie, welches folgende Schritte umfasst:
  - a) Fermentation einer die gewünschte schwefelhaltige Feinchemikalie  
produzierenden coryneformen Bakterienkultur, wobei in den coryneformen  
Bakterien zumindest eine heterologe Nukleotidsequenz exprimiert wird,  
welche für ein Protein mit O-Acetyl-Homoserin-Sulfhydrolase (metY) –Aktivität  
10 kodiert;
  - b) Anreicherung der schwefelhaltigen Feinchemikalie im Medium oder in den  
Zellen der Bakterien, und
  - c) Isolieren der schwefelhaltigen Feinchemikalie.
- 15 2. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die schwefelhaltige Feinchemikalie L-Methionin  
umfasst.
3. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die heterologe metY-  
kodierende Nukleotidsequenz zur metY-kodierenden Sequenz aus *Corynebacterium*  
20 *glutamicum* ATCC 13032 eine Sequenzhomologie vom weniger als 100% aufweist.
4. Verfahren nach Anspruch 3, wobei die metY-kodierende Sequenz aus einem der  
folgenden Organismen abgeleitet ist:

<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	ATCC 14779
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> CDC1551	ATCC 25584
<i>Clostridium acetobutylicum</i>	ATCC 824
<i>Bacillus halodurans</i>	ATCC21591
<i>Bacillus stearothermophilus</i>	ATCC 12980
<i>Chlorobium tepidum</i>	ATCC 49652
<i>Synechococcus</i> sp.	ATCC27104
<i>Emericella nidulans</i>	ATCC 36104
<i>Bacteroides fragilis</i>	ATCC 25285
<i>Lactococcus lactis</i>	ATCC 7962
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	ATCC 19395
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	ATCC 17933
<i>Nitrosomonas europaea</i>	ATCC 19718
<i>Sinorhizobium meliloti</i>	ATCC 4399
<i>Thermotoga maritima</i>	ATCC 43589
<i>Streptococcus mutans</i>	ATCC 25175
<i>Burkholderia cepacia</i>	ATCC 25416
<i>Deinococcus radiodurans</i>	ATCC 13939

<i>Rhodobacter capsulatus</i>	ATCC 11166
<i>Pasteurella multocida</i>	ATCC 6530
<i>Clostridium difficile</i>	ATCC 9689
<i>Campylobacter jejuni</i>	ATCC 33560
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	ATCC 6308
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	ATCC 2704
<i>Kluyveromyces lactis</i>	ATCC 8585
<i>Candida albicans</i>	ATCC 10231
<i>Schizosaccharomyces pombe</i>	ATCC 24969

5. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die metY-kodierende Sequenz eine kodierende Sequenz gemäß SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 oder eine dazu homologe Nukleotidsequenz, welche für ein Protein mit metY-Aktivität kodiert, umfasst.
6. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die metY-kodierende Sequenz für ein Protein mit metY-Aktivität kodiert, wobei das Protein eine Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52 und 54 oder eine dazu homologe Aminosäuresequenz, welche für ein Protein mit metY-Aktivität steht, umfasst.
7. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die kodierende metY-Sequenz eine in coryneformen Bakterien replizierbare oder eine stabil in das Chromosom integrierte DNA oder eine RNA ist.
8. Verfahren gemäß Anspruch 7, wobei man
  - a) einen mit einem Plasmidvektor transformierten Bakterienstamm einsetzt der wenigstens eine Kopie der kodierenden metY-Sequenz unter der Kontrolle regulativer Sequenzen trägt, oder
  - b) einen Stamm einsetzt, in dem die kodierende metY-Sequenz in das Chromosom des Bakteriums integriert wurde
9. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die kodierende metY-Sequenz überexprimiert wird.
10. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man Bakterien fermentiert, in denen zusätzlich wenigstens ein weiteres Gen des Biosyntheseweges der



gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie verstärkt ist oder derart mutiert ist, dass es durch Stoffwechselmetabolite nicht in seiner Aktivität beeinflusst wird.

5 11. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man Bakterien fermentiert, in denen wenigstens ein Stoffwechselweg zumindest teilweise ausgeschaltet ist, der die Bildung der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie verringert.

10 12. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt unter

- 15 a) dem für eine Aspartatkinase kodierenden Gen *lysC*,  
b) dem für die Glycerinaldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierenden Gen *gap*,  
c) dem für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierenden Gen *pgk*,  
d) dem für die Pyruvat Carboxylase kodierenden Gen *pyc*,  
15 e) dem für die Triosephosphat Isomerase kodierenden Gen *tpi*,  
f) dem für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierenden Gen *metA*,  
g) dem für die Cystathionin-gamma-Synthase kodierenden Gen *metB*,  
h) dem für die Cystathionin-gamma-Lyase kodierenden Gen *metC*,  
i) dem für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierenden Gen *glyA*,  
20 j) dem für die Methylen-Tetrahydrofolat-Reduktase kodierenden Gen *metF*,  
k) dem für die Vitamin B12 abhängige Methionin-Synthase kodierenden Gen *metH*,  
l) dem für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierenden Gen *serC*  
m) dem für die Phosphoserin-Phosphatase kodierenden Gen *serB*  
n) dem für die Serine Acetyl-Transferase kodierenden Gen *cysE*, und  
25 o) dem für eine Homoserin-Dehydrogenase kodierenden Gen *hom*,

überexprimiert oder so mutiert ist, dass die korrespondierenden Proteine, verglichen mit nicht mutierten Proteinen, in geringerem Maße oder nicht durch Stoffwechselmetabolite in ihrer Aktivität beeinflusst werden.

30 13. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man coryneformen Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt unter  
35 a) dem für die Homoserine-Kinase kodierenden Gen *thrB*,  
b) dem für die Threonin Dehydratase kodierenden Gen *ilvA*,  
c) dem für die Threonin Synthase kodierenden Gen *thrC*  
d) dem für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierenden Gen *ddh*

- e) dem für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierenden Gen pck,
- f) dem für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierenden Gen pgi,
- g) dem für die Pyruvat-Oxidase kodierenden Gen poxB,
- h) dem für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierenden Gen dapA,
- 5 i) dem für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierenden Gen dapB; oder
- j) dem für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierenden Gen

durch Veränderung der Expressionsrate oder durch Einführung einer gezielten Mutation abgeschwächt ist.

10

14. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, wobei man Mikroorganismen der Art *Corynebacterium glutamicum* einsetzt.

15

15. Verfahren zur Herstellung eines L-Methionin haltigen Tierfuttermittel-Additivs aus Fermentationsbrühen, welches folgende Schritte umfasst

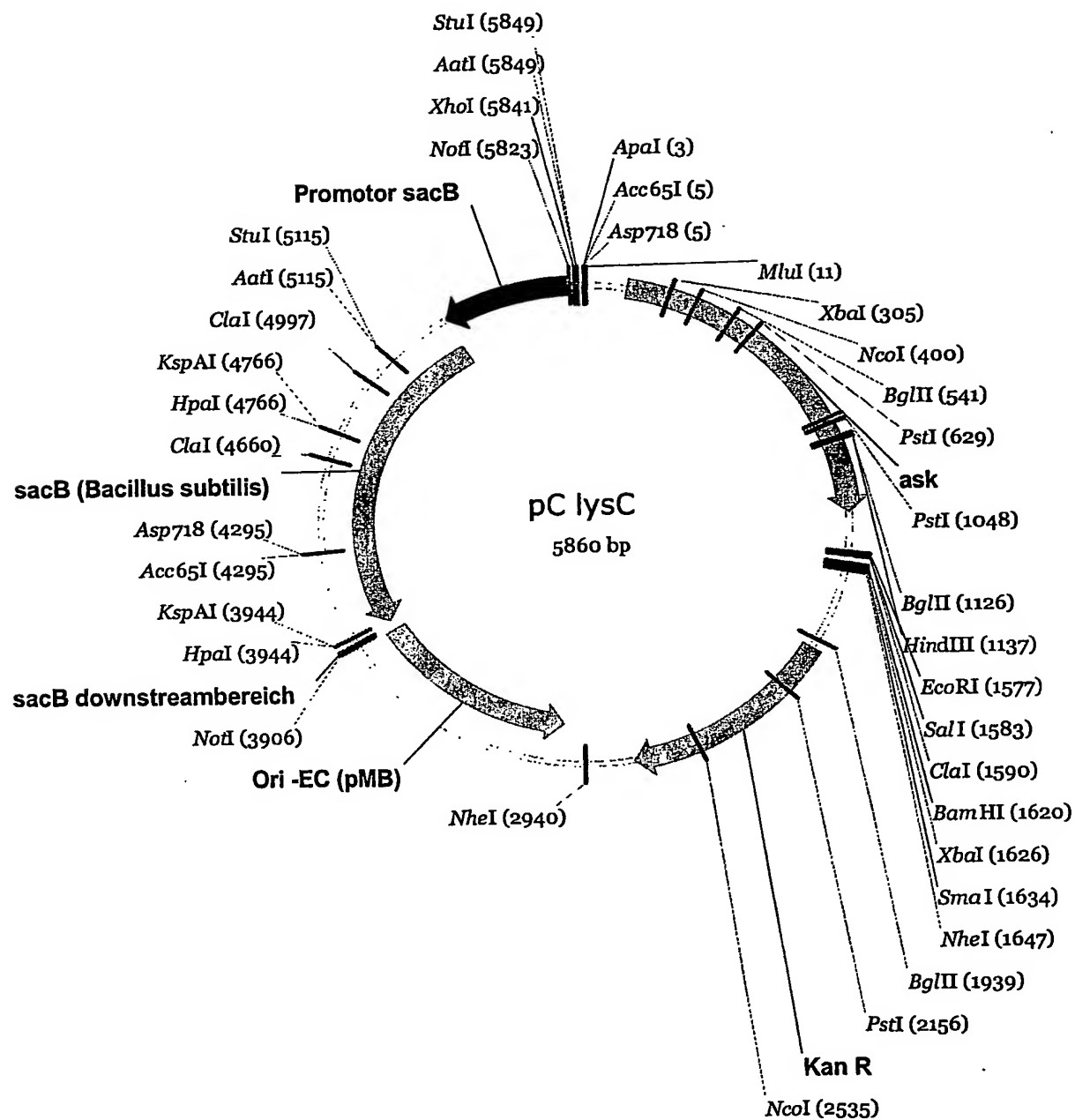
- a) Kultivierung und Fermentation eines L-Methionin produzierenden Mikroorganismus in einem Fermentationsmedium;
- b) Entfernung von Wasser aus der L-Methionin haltigen Fermentationsbrühe;
- c) Entfernung der während der Fermentation gebildeten Biomasse in einer Menge von 0 bis 100 Gew.-%; und
- 20 d) Trocknung der gemäß b) und/oder c) erhaltenen Fermentationsbrühe, um das Tierfuttermittel-Additiv in der gewünschten Pulver- oder Granulatform zu erhalten.

20

16. Verfahren gemäß Anspruch 15, wobei man Mikroorganismen gemäß der Definition in einem der Ansprüche 1 bis 14 einsetzt.

25

Fig. 1



2/3

Fig. 2

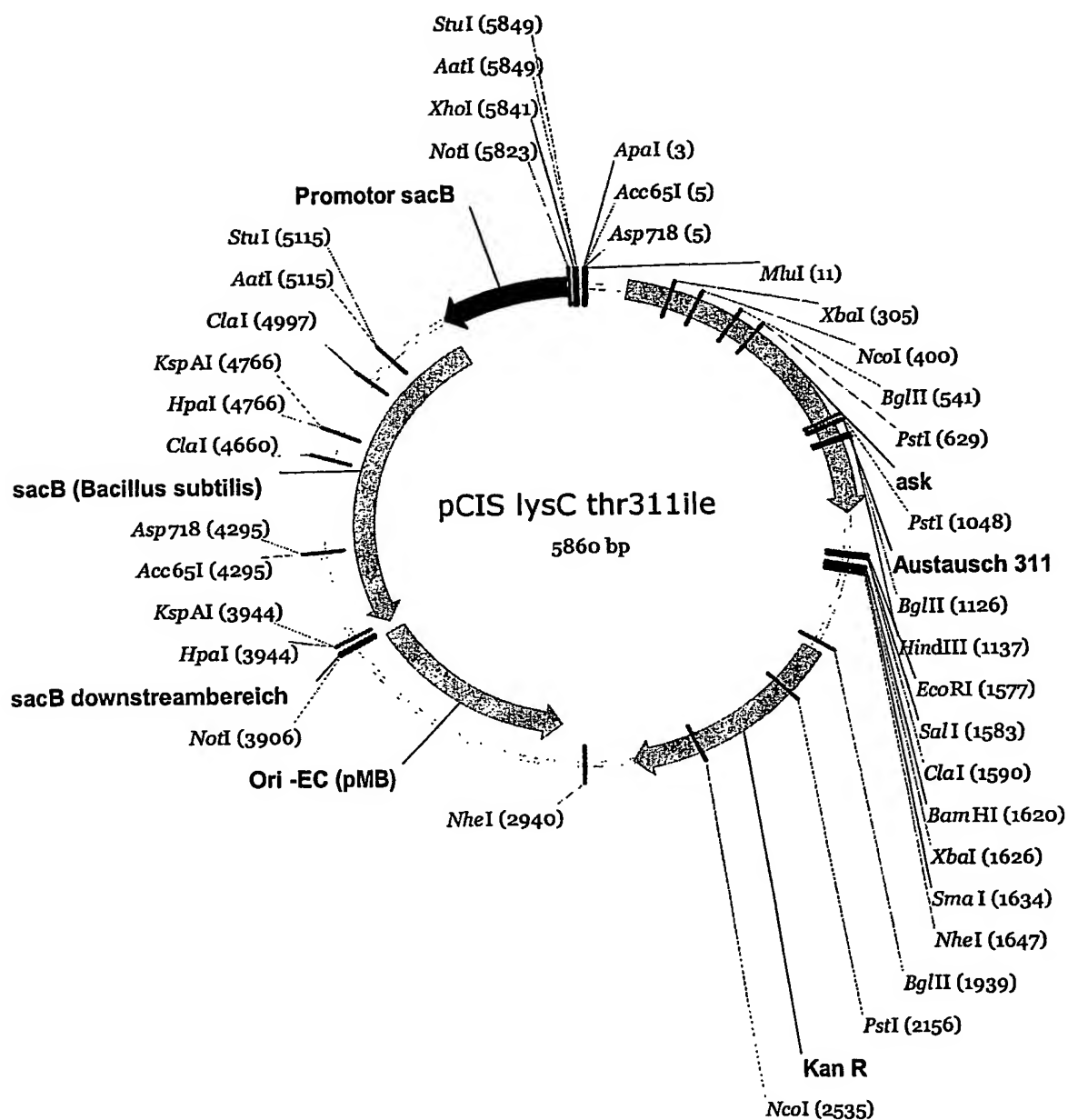
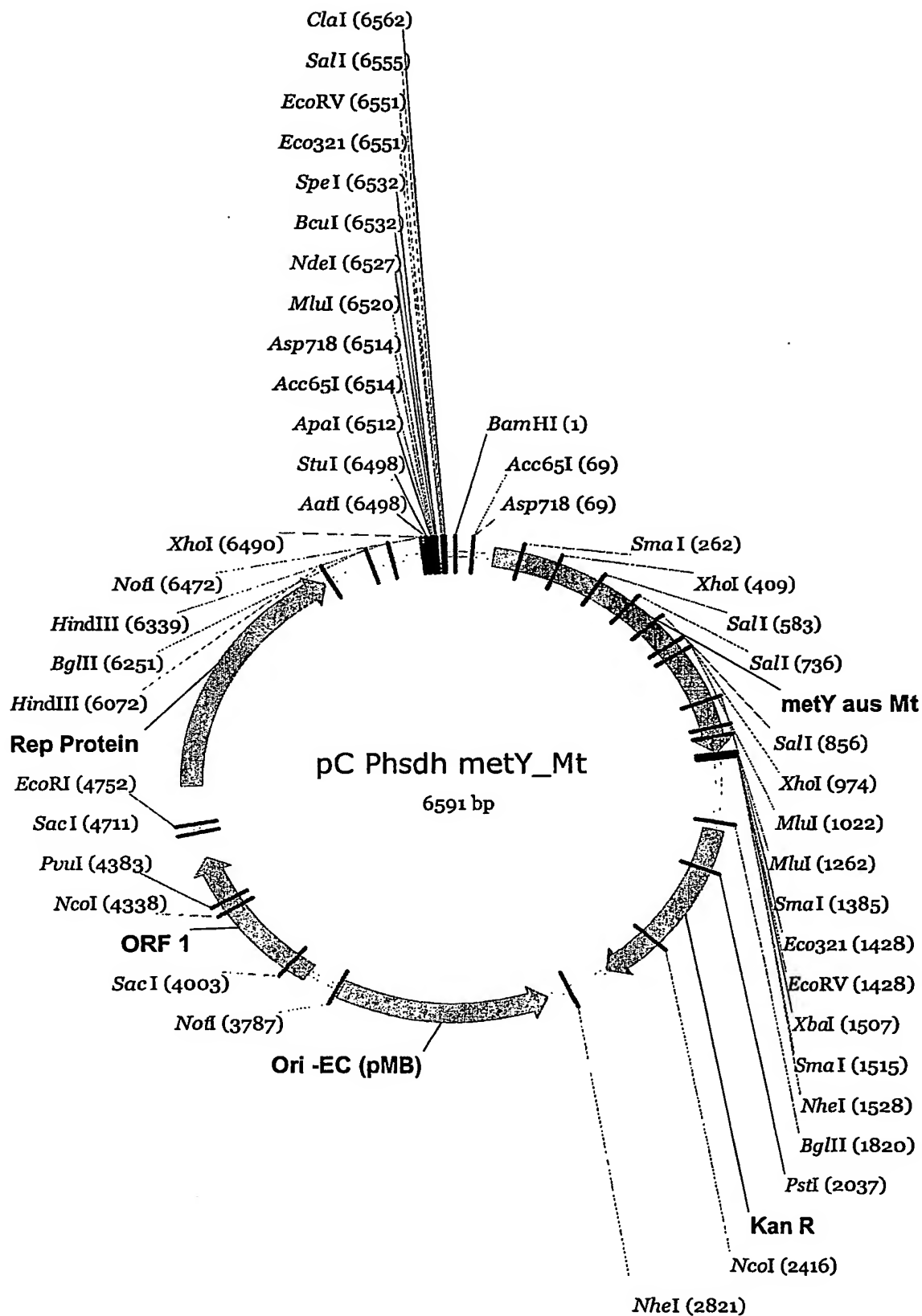


Fig. 3



## SEQUENZPROTOKOLL

&lt;110&gt; BASF AG

&lt;120&gt; Verfahren zur Herstellung schwefelhaltiger Feinchemikalien

&lt;130&gt; M/43128

&lt;160&gt; 66

&lt;170&gt; PatentIn version 3.1

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 1317

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Corynebacterium diphtheriae

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (1317)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 1

atg cca aca aaa tac gat aat tcc aat gcc aac aaa tgg ggt ttc gag	48
Met Pro Thr Lys Tyr Asp Asn Ser Asn Ala Asn Lys Trp Gly Phe Glu	
1 5 10 15	
act cgc tcc atc cac gca gga caa agc gtc gat agt gat acc agt gcc	96
Thr Arg Ser Ile His Ala Gly Gln Ser Val Asp Ser Asp Thr Ser Ala	
20 25 30	
cgc aac cta ccg att tac ctg aca tca tcg tac gtt ttt aat gac gcc	144
Arg Asn Leu Pro Ile Tyr Leu Thr Ser Ser Tyr Val Phe Asn Asp Ala	
35 40 45	
gaa cac gca gca aac cgc ttc aac ctt tcc gac gcc ggc ccg gtt tac	192
Glu His Ala Ala Asn Arg Phe Asn Leu Ser Asp Ala Gly Pro Val Tyr	
50 55 60	
tct cgc ctg acc aac cca act gtc gcg gca gtc gaa gaa cgc cta gcc	240
Ser Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Ala Ala Val Glu Glu Arg Leu Ala	
65 70 75 80	

aat ctt gaa ggt ggc gta cac gcc gta ctt ttc gct tcc gga atg gcc Asn Leu Glu Gly Gly Val His Ala Val Leu Phe Ala Ser Gly Met Ala 85 90 95	288
gcc gaa acc gcc gca atc ctc aac atc gcc cgc gcg ggt tcc cac atc Ala Glu Thr Ala Ala Ile Leu Asn Ile Ala Arg Ala Gly Ser His Ile 100 105 110	336
gtg tcc agt cct cgc att tac ggc ggc acc gaa aca ctc ttt gcc gtc Val Ser Ser Pro Arg Ile Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Ala Val 115 120 125	384
aca ttg gca cgc ctg ggc atc gaa acc act ttc gta gaa aat cct gac Thr Leu Ala Arg Leu Gly Ile Glu Thr Thr Phe Val Glu Asn Pro Asp 130 135 140	432
gac cca gcc tca tgg gag gct gca gtt caa gac aac acg gta gct ctc Asp Pro Ala Ser Trp Glu Ala Ala Val Gln Asp Asn Thr Val Ala Leu 145 150 155 160	480
tac gga gaa acc ttc gct aat cca caa gca gac gtg ctt gat att ccc Tyr Gly Glu Thr Phe Ala Asn Pro Gln Ala Asp Val Leu Asp Ile Pro 165 170 175	528
gca atc gca gag gtt gcc cat aaa cat caa gta cca ctg atc gtc gac Ala Ile Ala Glu Val Ala His Lys His Gln Val Pro Leu Ile Val Asp 180 185 190	576
aac acc ctc gca acc gca gcc ctt gta cgc ccc ctc gaa ctc ggt gca Asn Thr Leu Ala Thr Ala Ala Leu Val Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala 195 200 205	624
gac gtc gtc gtg gca tcc cta acc aag ttc tac acc gga aat ggc tcc Asp Val Val Val Ala Ser Leu Thr Lys Phe Tyr Thr Gly Asn Gly Ser 210 215 220	672
gga ctc ggc gga gtg ctt atc gac ggc gga aac ttc gac tgg acc gtc Gly Leu Gly Gly Val Leu Ile Asp Gly Gly Asn Phe Asp Trp Thr Val 225 230 235 240	720
aca cgc aac ggc gaa ccg atc ttc ccc gac ttt gtc acc cca gat ccc Thr Arg Asn Gly Glu Pro Ile Phe Pro Asp Phe Val Thr Pro Asp Pro 245 250 255	768
gcc tat cac ggt ctc aag tat tcc gat ctt ggt gcc ccc gcc ttc gga Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ser Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly 260 265 270	816
cta aag gct cgc gtc gga ctc ctg cgc gac acc ggc gca gcc cca tca Leu Lys Ala Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ala Ala Pro Ser 275 280 285	864
cca ctc aac gca tgg atc acc gca caa ggg ctc gac acc ctc tcg cta Pro Leu Asn Ala Trp Ile Thr Ala Gln Gly Leu Asp Thr Leu Ser Leu 290 295 300	912
cga gta caa cgc cac aac gaa aac gca ctc gca gta gca caa ttc ctc Arg Val Gln Arg His Asn Glu Asn Ala Leu Ala Val Ala Gln Phe Leu 305 310 315 320	960
gcc aac cac gag aaa gta gcc aag gtt aac tac gca ggc ctt ccc gac Ala Asn His Glu Lys Val Ala Lys Val Asn Tyr Ala Gly Leu Pro Asp	1008

325										330					335					
tcc cct tgg tac cca gtc aaa gaa aaa ctc gga ttc gac tac acc ggc																	1056			
Ser Pro Trp Tyr Pro Val Lys Glu Lys Leu Gly Phe Asp Tyr Thr Gly																				
			340					345							350					
tcc gta ctt tcc ttt gac gtt aaa ggt gga aaa aac gaa gca tgg cgc																	1104			
Ser Val Leu Ser Phe Asp Val Lys Gly Gly Lys Asn Glu Ala Trp Arg																				
		355					360						365							
ttt atc gac gca ctc aaa cta cac tcg aac ctc gcc aac gtc gga gac																	1152			
Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp																				
	370					375				380										
gta cgt tcc ctc gta gtc cac cca gcg acc acc acg cac tca caa tcg																	1200			
Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser																				
	385				390				395						400					
gaa gaa tcg gca ctt cta gcc gca gga att aat caa gca acc atc cga																	1248			
Glu Glu Ser Ala Leu Leu Ala Ala Gly Ile Asn Gln Ala Thr Ile Arg																				
			405					410						415						
ctc tcc gtc ggc atc gaa tcc atc gac gac atc atc gcc gac ctc aca																	1296			
Leu Ser Val Gly Ile Glu Ser Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Thr																				
			420				425						430							
gca ggt ttc gac gca atc taa																	1317			
Ala Gly Phe Asp Ala Ile																				
			435																	

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 438

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Corynebacterium diphtheriae

&lt;400&gt; 2

Met	Pro	Thr	Lys	Tyr	Asp	Asn	Ser	Asn	Ala	Asn	Lys	Trp	Gly	Phe	Glu
1				5					10					15	

Thr	Arg	Ser	Ile	His	Ala	Gly	Gln	Ser	Val	Asp	Ser	Asp	Thr	Ser	Ala
			20					25					30		

Arg	Asn	Leu	Pro	Ile	Tyr	Leu	Thr	Ser	Ser	Tyr	Val	Phe	Asn	Asp	Ala
		35					40					45			

Glu	His	Ala	Ala	Asn	Arg	Phe	Asn	Leu	Ser	Asp	Ala	Gly	Pro	Val	Tyr
	50						55				60				

Ser	Arg	Leu	Thr	Asn	Pro	Thr	Val	Ala	Ala	Val	Glu	Glu	Arg	Leu	Ala
65					70					75				80	



Asn Leu Glu Gly Gly Val His Ala Val Leu Phe Ala Ser Gly Met Ala  
85 90 95

Ala Glu Thr Ala Ala Ile Leu Asn Ile Ala Arg Ala Gly Ser His Ile  
100 105 110

Val Ser Ser Pro Arg Ile Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Ala Val  
115 120 125

Thr Leu Ala Arg Leu Gly Ile Glu Thr Thr Phe Val Glu Asn Pro Asp  
130 135 140

Asp Pro Ala Ser Trp Glu Ala Ala Val Gln Asp Asn Thr Val Ala Leu  
145 150 155 160

Tyr Gly Glu Thr Phe Ala Asn Pro Gln Ala Asp Val Leu Asp Ile Pro  
165 170 175

Ala Ile Ala Glu Val Ala His Lys His Gln Val Pro Leu Ile Val Asp  
180 185 190

Asn Thr Leu Ala Thr Ala Ala Leu Val Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala  
195 200 205

Asp Val Val Val Ala Ser Leu Thr Lys Phe Tyr Thr Gly Asn Gly Ser  
210 215 220

Gly Leu Gly Gly Val Leu Ile Asp Gly Gly Asn Phe Asp Trp Thr Val  
225 230 235 240

Thr Arg Asn Gly Glu Pro Ile Phe Pro Asp Phe Val Thr Pro Asp Pro  
245 250 255

Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ser Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly  
260 265 270

Leu Lys Ala Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ala Ala Pro Ser  
275 280 285

Pro Leu Asn Ala Trp Ile Thr Ala Gln Gly Leu Asp Thr Leu Ser Leu  
290 295 300

Arg Val Gln Arg His Asn Glu Asn Ala Leu Ala Val Ala Gln Phe Leu  
305 310 315 320

Ala Asn His Glu Lys Val Ala Lys Val Asn Tyr Ala Gly Leu Pro Asp  
325 330 335

Ser Pro Trp Tyr Pro Val Lys Glu Lys Leu Gly Phe Asp Tyr Thr Gly  
 340 345 350

Ser Val Leu Ser Phe Asp Val Lys Gly Gly Lys Asn Glu Ala Trp Arg  
 355 360 365

Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp  
 370 375 380

Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser  
 385 390 395 400

Glu Glu Ser Ala Leu Leu Ala Ala Gly Ile Asn Gln Ala Thr Ile Arg  
 405 410 415

Leu Ser Val Gly Ile Glu Ser Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Thr  
 420 425 430

Ala Gly Phe Asp Ala Ile  
 435

<210> 3

<211> 1350

<212> DNA

<213> Mycobacterium tuberculosis

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1350)

<223>

<400> 3

atg agc gcc gac agc aat agc acc gac gcc gat ccg acc gcg cat tgg 48  
 Met Ser Ala Asp Ser Asn Ser Thr Asp Ala Asp Pro Thr Ala His Trp  
 1 5 10 15

tcg ttc gaa acc aaa cag ata cac gct ggt cag cac cct gat ccg acc 96  
 Ser Phe Glu Thr Lys Gln Ile His Ala Gly Gln His Pro Asp Pro Thr  
 20 25 30

acc aac gcc cgg gct ctg ccg atc tat gcg acc acg tcg tac acc ttc 144  
 Thr Asn Ala Arg Ala Leu Pro Ile Tyr Ala Thr Thr Ser Tyr Thr Phe  
 35 40 45

gac Asp 50	gac Asp 50	acc Thr 50	gcg Ala 50	cac His 50	gcc Ala 55	gcc Ala 55	gcc Ala 55	ctg Leu 55	ttc Phe 55	gga Gly 60	ctg Leu 60	gaa Glu 60	att Ile 60	ccg Pro 60	ggc Gly 60	192
aat Asn 65	atc Ile 65	tac Tyr 65	acc Thr 65	cgg Arg 70	atc Ile 70	ggc Gly 70	aac Asn 70	ccc Pro 70	acc Thr 75	acc Thr 75	gac Asp 75	gtc Val 75	gtc Val 75	gag Glu 80	cag Gln 80	240
cgc Arg 85	atc Ile 85	gcc Ala 85	gcg Ala 85	ctc Leu 85	gag Glu 85	ggc Gly 85	ggg Gly 85	gtg Val 90	gcc Ala 90	gcg Ala 90	ctg Leu 90	ttc Phe 90	ctg Leu 95	tcg Ser 95	tcg Ser 95	288
ggg Gly 100	cag Gln 100	gcc Ala 100	gcg Ala 100	gag Glu 100	acg Thr 100	ttc Phe 105	gcc Ala 105	atc Ile 105	ttg Leu 105	aac Asn 110	ctg Leu 110	gcc Ala 110	ggc Gly 110	gag Ala 110	ggc Gly 110	336
gat Asp 115	cac His 115	atc Ile 115	gtg Val 115	tcc Ser 115	agc Ser 120	ccg Pro 120	cgc Arg 120	ctg Leu 120	tac Tyr 120	ggc Gly 125	ggc Gly 125	acc Thr 125	tac Tyr 125	aac Asn 125	ctg Leu 125	384
ttc Phe 130	cac His 130	tat Tyr 130	tcg Ser 130	ctg Leu 130	gcc Ala 135	aag Lys 135	ctc Leu 135	ggc Gly 135	atc Ile 140	gag Glu 140	gtc Val 140	agc Ser 140	ttc Phe 140	gtc Val 140	gac Asp 140	432
gat Asp 145	ccg Pro 145	gac Asp 145	gat Asp 145	ctg Leu 145	gac Asp 150	acc Thr 150	tgg Trp 150	cag Gln 150	gag Ala 155	gag Ala 155	gta Val 155	cgg Arg 155	ccc Pro 155	aac Asn 160	acc Thr 160	480
aag Lys 165	gag Ala 165	ttc Phe 165	ttc Phe 165	gcc Ala 165	gag Glu 165	acc Thr 165	atc Ile 170	tcc Ser 170	aac Asn 170	ccg Pro 170	cag Gln 170	atc Ile 175	gac Asp 175	ctg Leu 175	ctg Leu 175	528
gac Asp 180	acc Thr 180	ccg Pro 180	gag Ala 180	gtt Val 180	tcc Ser 185	gag Glu 185	gtc Val 185	gcc Ala 185	cat His 185	cgc Arg 190	aac Asn 190	ggg Gly 190	gtg Val 190	ccg Pro 190	ttg Leu 190	576
atc Ile 195	gtc Val 195	gac Asp 195	aac Asn 195	acc Thr 195	atc Ile 200	gcc Ala 200	acg Thr 200	cca Pro 200	tac Tyr 200	ctg Leu 205	atc Ile 205	caa Gln 205	ccg Pro 205	ttg Leu 205	gcc Ala 205	624
cag Gln 210	ggc Gly 210	gcc Ala 210	gac Asp 210	atc Ile 215	gtc Val 215	gtg Val 215	cat His 215	tcg Ser 215	gcc Ala 220	acc Thr 220	aag Lys 220	tac Tyr 220	ctg Leu 220	ggc Gly 220	ggg Gly 220	672
cac His 225	ggg Gly 225	gcc Ala 225	gcc Ala 225	atc Ile 230	gag Ala 230	ggg Gly 230	gtg Val 230	atc Ile 235	gtc Val 235	gac Asp 235	ggc Gly 235	ggc Gly 235	aac Asn 240	ttc Phe 240	gat Asp 240	720
tgg Trp 245	acc Thr 245	cag Gln 245	ggc Gly 245	cgc Arg 245	ttc Phe 245	ccc Pro 245	ggc Gly 245	ttc Phe 250	acc Thr 250	acc Thr 250	ccc Pro 250	gac Asp 255	ccc Pro 255	agc Ser 255	tac Tyr 255	768
cac His 260	ggc Gly 260	gtg Val 260	gtg Val 260	ttc Phe 260	gcc Ala 265	gag Glu 265	ctg Leu 265	ggg Gly 265	cca Pro 265	ccg Pro 265	gag Ala 270	ttt Phe 270	gag Ala 270	ctc Leu 270	aaa Lys 270	816
gct Ala 275	cga Arg 275	gtg Val 275	cag Gln 275	ctg Leu 275	ctc Leu 275	cgt Arg 280	gac Asp 280	tac Tyr 280	ggc Gly 280	tcg Ser 285	gag Ala 285	gct Ala 285	tcg Ser 285	ccg Pro 285	ttc Phe 285	864
aac Asn 290	gag Ala 290	ttc Phe 290	ttg Leu 290	gtg Val 290	gag Ala 295	ggg Gly 295	ctg Leu 295	gaa Glu 300	acg Thr 300	ctg Leu 300	agc Ser 300	ctg Leu 300	cgg Arg 300	atc Ile 300		912

gag cgg cac gtc gcc aac gcg cag cgc gtc gcc gag ttc ctg gcc gcc	960
Glu Arg His Val Ala Asn Ala Gln Arg Val Ala Glu Phe Leu Ala Ala	
305 310 315 320	
cgc gac gac gtg ctt tcg gtc aac tat gcg ggg ctg ccc tcc tcg ccc	1008
Arg Asp Asp Val Leu Ser Val Asn Tyr Ala Gly Leu Pro Ser Ser Pro	
325 330 335	
tgg cat gag cgg gcc aag agg ctg gcg ccc aag gga acc ggg gcc gtg	1056
Trp His Glu Arg Ala Lys Arg Leu Ala Pro Lys Gly Thr Gly Ala Val	
340 345 350	
ctg tcc ttc gag ttg gcc ggc ggc atc gag gcc ggc aag gca ttc gtg	1104
Leu Ser Phe Glu Leu Ala Gly Gly Ile Glu Ala Gly Lys Ala Phe Val	
355 360 365	
aac gcg ttg aag ctg cac agc cac gtc gcc aac atc ggt gac gtg cgc	1152
Asn Ala Leu Lys Leu His Ser His Val Ala Asn Ile Gly Asp Val Arg	
370 375 380	
tcg ctg gtg atc cac ccg gca tcg acc act cat gcc cag ctg agc ccg	1200
Ser Leu Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Ala Gln Leu Ser Pro	
385 390 395 400	
gcc gag cag ctg gcg acc ggg gtc agc ccg ggc ctg gtg cgt ttg gct	1248
Ala Glu Gln Leu Ala Thr Gly Val Ser Pro Gly Leu Val Arg Leu Ala	
405 410 415	
gtg ggc atc gaa ggt atc gac gat atc ctg gcc gac ctg gag ctt ggc	1296
Val Gly Ile Glu Gly Ile Asp Asp Ile Leu Ala Asp Leu Glu Leu Gly	
420 425 430	
ttt gcc gcg gcc cgc aga ttc agc gcc gac ccg cag tcc gtg gcg gcg	1344
Phe Ala Ala Ala Arg Arg Phe Ser Ala Asp Pro Gln Ser Val Ala Ala	
435 440 445	
ttc tga	1350
Phe	

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 449

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Mycobacterium tuberculosis

&lt;400&gt; 4

Met Ser Ala Asp Ser Asn Ser Thr Asp Ala Asp Pro Thr Ala His Trp
1 5 10 15

Ser Phe Glu Thr Lys Gln Ile His Ala Gly Gln His Pro Asp Pro Thr
20 25 30

Thr Asn Ala Arg Ala Leu Pro Ile Tyr Ala Thr Thr Ser Tyr Thr Phe
---

35

40

45

Asp Asp Thr Ala His Ala Ala Ala Leu Phe Gly Leu Glu Ile Pro Gly  
50 55 60

Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Gly Asn Pro Thr Thr Asp Val Val Glu Gln  
65 70 75 80

Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Ala Ala Leu Phe Leu Ser Ser  
85 90 95

Gly Gln Ala Ala Glu Thr Phe Ala Ile Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly  
100 105 110

Asp His Ile Val Ser Ser Pro Arg Leu Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Leu  
115 120 125

Phe His Tyr Ser Leu Ala Lys Leu Gly Ile Glu Val Ser Phe Val Asp  
130 135 140

Asp Pro Asp Asp Leu Asp Thr Trp Gln Ala Ala Val Arg Pro Asn Thr  
145 150 155 160

Lys Ala Phe Phe Ala Glu Thr Ile Ser Asn Pro Gln Ile Asp Leu Leu  
165 170 175

Asp Thr Pro Ala Val Ser Glu Val Ala His Arg Asn Gly Val Pro Leu  
180 185 190

Ile Val Asp Asn Thr Ile Ala Thr Pro Tyr Leu Ile Gln Pro Leu Ala  
195 200 205

Gln Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala Thr Lys Tyr Leu Gly Gly  
210 215 220

His Gly Ala Ala Ile Ala Gly Val Ile Val Asp Gly Gly Asn Phe Asp  
225 230 235 240

Trp Thr Gln Gly Arg Phe Pro Gly Phe Thr Thr Pro Asp Pro Ser Tyr  
245 250 255

His Gly Val Val Phe Ala Glu Leu Gly Pro Pro Ala Phe Ala Leu Lys  
260 265 270

Ala Arg Val Gln Leu Leu Arg Asp Tyr Gly Ser Ala Ala Ser Pro Phe  
275 280 285

Asn Ala Phe Leu Val Ala Gln Gly Leu Glu Thr Leu Ser Leu Arg Ile  
290 295 300

Glu Arg His Val Ala Asn Ala Gln Arg Val Ala Glu Phe Leu Ala Ala  
305 310 315 320

Arg Asp Asp Val Leu Ser Val Asn Tyr Ala Gly Leu Pro Ser Ser Pro  
325 330 335

Trp His Glu Arg Ala Lys Arg Leu Ala Pro Lys Gly Thr Gly Ala Val  
340 345 350

Leu Ser Phe Glu Leu Ala Gly Gly Ile Glu Ala Gly Lys Ala Phe Val  
355 360 365

Asn Ala Leu Lys Leu His Ser His Val Ala Asn Ile Gly Asp Val Arg  
370 375 380

Ser Leu Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Ala Gln Leu Ser Pro  
385 390 395 400

Ala Glu Gln Leu Ala Thr Gly Val Ser Pro Gly Leu Val Arg Leu Ala  
405 410 415

Val Gly Ile Glu Gly Ile Asp Asp Ile Leu Ala Asp Leu Glu Leu Gly  
420 425 430

Phe Ala Ala Ala Arg Arg Phe Ser Ala Asp Pro Gln Ser Val Ala Ala  
435 440 445

Phe

<210> 5

<211> 1284

<212> DNA

<213> Clostridium acetobutylicum

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1284)

<223>

<400> 5  
atg agt gaa gaa aga aaa ttt ggt ttt gaa aca tta cag gtt cat gca 48  
Met Ser Glu Glu Arg Lys Phe Gly Phe Glu Thr Leu Gln Val His Ala  
1 5 10 15

gga caa gtt gct gat cca act aca gga tca aga gct gta cct att tat 96  
Gly Gln Val Ala Asp Pro Thr Thr Gly Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
20 25 30

caa aca aca tca tat gta ttt aaa aat gct gat cat gca gca aat tta 144  
Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Lys Asn Ala Asp His Ala Ala Asn Leu  
35 40 45

ttt caa ttg aaa gaa cct gga aat gta tat aca agg ata atg aat cca 192  
Phe Gln Leu Lys Glu Pro Gly Asn Val Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro  
50 55 60

aca act gat gta ttt gaa caa aga gta gca gct ctt gag ggc gga gtt 240  
Thr Thr Asp Val Phe Glu Gln Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val  
65 70 75 80

gct gga ctt gca aca gca tca gga ctt gca gca att acc tat gct att 288  
Ala Gly Leu Ala Thr Ala Ser Gly Leu Ala Ala Ile Thr Tyr Ala Ile  
85 90 95

tta aat gtg gca agt gct ggg gat gaa att gtt gca gca agt acc tta 336  
Leu Asn Val Ala Ser Ala Gly Asp Glu Ile Val Ala Ala Ser Thr Leu  
100 105 110

tat ggt gga aca tat gaa tta ttt ggg gtt act ctt aag aag ctt gga 384  
Tyr Gly Gly Thr Tyr Glu Leu Phe Gly Val Thr Leu Lys Lys Leu Gly  
115 120 125

ata aag gtt gtt ttt gta gat cca gat aat cct gaa aat ata aga aaa 432  
Ile Lys Val Val Phe Val Asp Pro Asp Asn Pro Glu Asn Ile Arg Lys  
130 135 140

gca ata aat gat agg aca aaa gct gta tat ggg gaa act att gga aat 480  
Ala Ile Asn Asp Arg Thr Lys Ala Val Tyr Gly Glu Thr Ile Gly Asn  
145 150 155 160

cca aga ata aat gtt ttg gat ata gag gca gta gct aaa att gcc cat 528  
Pro Arg Ile Asn Val Leu Asp Ile Glu Ala Val Ala Lys Ile Ala His  
165 170 175

gaa aat aaa ata cca ctt ata atc gat aat aca ttt ggt aca ccg tat 576  
Glu Asn Lys Ile Pro Leu Ile Ile Asp Asn Thr Phe Gly Thr Pro Tyr  
180 185 190

ctt ata aga cct ata gaa ttt gga gca gat ata gtt gta cat tca gca 624  
Leu Ile Arg Pro Ile Glu Phe Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala  
195 200 205

aca aag ttt ata gga gga cat gga act act ata ggt gga att ata gtt 672  
Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Gly Gly Ile Ile Val  
210 215 220

gat ggt gga aaa ttt gat tgg aga gct agt gga aag ttt cct gat ttt 720  
Asp Gly Gly Lys Phe Asp Trp Arg Ala Ser Gly Lys Phe Pro Asp Phe  
225 230 235 240

aca aca ccg gat aag agc tat aat gga ctt ata tat gct gat cta ggt 768  
 Thr Thr Pro Asp Lys Ser Tyr Asn Gly Leu Ile Tyr Ala Asp Leu Gly  
 245 250 255

gca cct gct ttt gct tta aaa gca aga gtt caa ctt tta aga aat aca 816  
 Ala Pro Ala Phe Ala Leu Lys Ala Arg Val Gln Leu Leu Arg Asn Thr  
 260 265 270

ggt gca acg ctt agt cca caa agt gct ttt tat ttc cta caa ggg ttg 864  
 Gly Ala Thr Leu Ser Pro Gln Ser Ala Phe Tyr Phe Leu Gln Gly Leu  
 275 280 285

gaa tca ctt tca ctt agg gtt caa aaa cat gtt gat aat aca aga aag 912  
 Glu Ser Leu Ser Leu Arg Val Gln Lys His Val Asp Asn Thr Arg Lys  
 290 295 300

gta gtt gaa ttc ttg aag aac cat cca aaa gtt tca tgg ata aat tat 960  
 Val Val Glu Phe Leu Lys Asn His Pro Lys Val Ser Trp Ile Asn Tyr  
 305 310 315 320

cct gaa ctt gag gaa agt cct tat aaa gag tta gca aat aaa tat ctt 1008  
 Pro Glu Leu Glu Glu Ser Pro Tyr Lys Glu Leu Ala Asn Lys Tyr Leu  
 325 330 335

cca aag ggt gca ggc tca ata ttt aca ttt gga ata aag gga gga ctt 1056  
 Pro Lys Gly Ala Gly Ser Ile Phe Thr Phe Gly Ile Lys Gly Gly Leu  
 340 345 350

gaa gct ggt aaa aga ttt ata aat agt gtt aaa cta ttc tct ctt ttg 1104  
 Glu Ala Gly Lys Arg Phe Ile Asn Ser Val Lys Leu Phe Ser Leu Leu  
 355 360 365

gca aat gtt gca gat gca aaa tca ctt gtt ata cat cct tca agt aca 1152  
 Ala Asn Val Ala Asp Ala Lys Ser Leu Val Ile His Pro Ser Ser Thr  
 370 375 380

act cat gct gaa ctt aat gaa gaa gaa caa aaa gca gct ggt gtt act 1200  
 Thr His Ala Glu Leu Asn Glu Glu Glu Gln Lys Ala Ala Gly Val Thr  
 385 390 395 400

cca gat atg ata aga ctt tca ata gga gta gag gat gca gag gat tta 1248  
 Pro Asp Met Ile Arg Leu Ser Ile Gly Val Glu Asp Ala Glu Asp Leu  
 405 410 415

ata tgg gac tta aat caa gct ctc gaa caa gct taa 1284  
 Ile Trp Asp Leu Asn Gln Ala Leu Glu Gln Ala  
 420 425

<210> 6

<211> 427

<212> PRT

<213> Clostridium acetobutylicum

<400> 6

Met Ser Glu Glu Arg Lys Phe Gly Phe Glu Thr Leu Gln Val His Ala  
 1 5 10 15



Gly Gln Val Ala Asp Pro Thr Thr Gly Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
 20 25 30

Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Lys Asn Ala Asp His Ala Ala Asn Leu  
 35 40 45

Phe Gln Leu Lys Glu Pro Gly Asn Val Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro  
 50 55 60

Thr Thr Asp Val Phe Glu Gln Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val  
 65 70 75 80

Ala Gly Leu Ala Thr Ala Ser Gly Leu Ala Ala Ile Thr Tyr Ala Ile  
 85 90 95

Leu Asn Val Ala Ser Ala Gly Asp Glu Ile Val Ala Ala Ser Thr Leu  
 100 105 110

Tyr Gly Gly Thr Tyr Glu Leu Phe Gly Val Thr Leu Lys Lys Leu Gly  
 115 120 125

Ile Lys Val Val Phe Val Asp Pro Asp Asn Pro Glu Asn Ile Arg Lys  
 130 135 140

Ala Ile Asn Asp Arg Thr Lys Ala Val Tyr Gly Glu Thr Ile Gly Asn  
 145 150 155 160

Pro Arg Ile Asn Val Leu Asp Ile Glu Ala Val Ala Lys Ile Ala His  
 165 170 175

Glu Asn Lys Ile Pro Leu Ile Ile Asp Asn Thr Phe Gly Thr Pro Tyr  
 180 185 190

Leu Ile Arg Pro Ile Glu Phe Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala  
 195 200 205

Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Gly Gly Ile Ile Val  
 210 215 220

Asp Gly Gly Lys Phe Asp Trp Arg Ala Ser Gly Lys Phe Pro Asp Phe  
 225 230 235 240

Thr Thr Pro Asp Lys Ser Tyr Asn Gly Leu Ile Tyr Ala Asp Leu Gly  
 245 250 255

Ala Pro Ala Phe Ala Leu Lys Ala Arg Val Gln Leu Leu Arg Asn Thr  
260 265 270

Gly Ala Thr Leu Ser Pro Gln Ser Ala Phe Tyr Phe Leu Gln Gly Leu  
275 280 285

Glu Ser Leu Ser Leu Arg Val Gln Lys His Val Asp Asn Thr Arg Lys  
290 295 300

Val Val Glu Phe Leu Lys Asn His Pro Lys Val Ser Trp Ile Asn Tyr  
305 310 315 320

Pro Glu Leu Glu Glu Ser Pro Tyr Lys Glu Leu Ala Asn Lys Tyr Leu  
325 330 335

Pro Lys Gly Ala Gly Ser Ile Phe Thr Phe Gly Ile Lys Gly Gly Leu  
340 345 350

Glu Ala Gly Lys Arg Phe Ile Asn Ser Val Lys Leu Phe Ser Leu Leu  
355 360 365

Ala Asn Val Ala Asp Ala Lys Ser Leu Val Ile His Pro Ser Ser Thr  
370 375 380

Thr His Ala Glu Leu Asn Glu Glu Glu Gln Lys Ala Ala Gly Val Thr  
385 390 395 400

Pro Asp Met Ile Arg Leu Ser Ile Gly Val Glu Asp Ala Glu Asp Leu  
405 410 415

Ile Trp Asp Leu Asn Gln Ala Leu Glu Gln Ala  
420 425

<210> 7

<211> 1293

<212> DNA

<213> Bacillus halodurans

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1293)

<223>

&lt;400&gt; 7

atg aat cat gaa aac caa tgg cag tta gaa aca aag gcc gtt cat tca	48
Met Asn His Glu Asn Gln Trp Gln Leu Glu Thr Lys Ala Val His Ser	
1 5 10 15	
gga cag gag atc gat ccg aca acg ttg tcg cga gcc gtc cca ttg tac	96
Gly Gln Glu Ile Asp Pro Thr Thr Leu Ser Arg Ala Val Pro Leu Tyr	
20 25 30	
caa acg acg tcc tac gga ttt aaa gat aca gac cat gcg gcg aat tta	144
Gln Thr Thr Ser Tyr Gly Phe Lys Asp Thr Asp His Ala Ala Asn Leu	
35 40 45	
ttt tca cta agt gaa ttt ggc aat atc tat acc cga ttg atg aac cca	192
Phe Ser Leu Ser Glu Phe Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Leu Met Asn Pro	
50 55 60	
acg aca gat gtg ttt gaa aaa cgt gtg gct gcg tta gaa gga gga gcg	240
Thr Thr Asp Val Phe Glu Lys Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ala	
65 70 75 80	
gca gct tta gcg acg gcc tca ggg cag gcg gcc att acg tat tcg att	288
Ala Ala Leu Ala Thr Ala Ser Gly Gln Ala Ala Ile Thr Tyr Ser Ile	
85 90 95	
tta aat att gcg gag gct gga gat gaa atc gtg tcc gct agt agc ctt	336
Leu Asn Ile Ala Glu Ala Gly Asp Glu Ile Val Ser Ala Ser Ser Leu	
100 105 110	
tac ggc gga acg tat aat tta ttt tcg att acg ttg cca aag cta ggg	384
Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Ser Ile Thr Leu Pro Lys Leu Gly	
115 120 125	
gta aac gtc cgt ttc gtt gat cca tcg gac cca gaa aac ttc aaa gca	432
Val Asn Val Arg Phe Val Asp Pro Ser Asp Pro Glu Asn Phe Lys Ala	
130 135 140	
gcg att act gaa aag acg aaa gcc att ttc gct gag tcg att gga aac	480
Ala Ile Thr Glu Lys Thr Lys Ala Ile Phe Ala Glu Ser Ile Gly Asn	
145 150 155 160	
cct aag gga gac gtg tta gat att gaa gcg gtg gcg aaa gtt gca cac	528
Pro Lys Gly Asp Val Leu Asp Ile Glu Ala Val Ala Lys Val Ala His	
165 170 175	
gat cat cac ctt ccc ctc att gtc gat aac acg ttt cca agc cca tat	576
Asp His His Leu Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Phe Pro Ser Pro Tyr	
180 185 190	
ttg ctt caa ccg ata aag cac ggc gca gac att gtt gtg cat tca gca	624
Leu Leu Gln Pro Ile Lys His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala	
195 200 205	
aca aaa ttt atc ggt ggt cat ggg acg tcg ata gga ggg atc att gtc	672
Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Ile Gly Gly Ile Ile Val	
210 215 220	
gat gga ggg acg ttt gat tgg gcg aaa acg gat cga tat cca ggg cta	720
Asp Gly Gly Thr Phe Asp Trp Ala Lys Thr Asp Arg Tyr Pro Gly Leu	
225 230 235 240	

aca aca cct gat ccg agt tac cac ggt gtt gta tat aca gat gcg gtc 768  
 Thr Thr Pro Asp Pro Ser Tyr His Gly Val Val Tyr Thr Asp Ala Val  
 245 250 255  
 ggt cca att gct tat att att aaa gcg cgt gtt cag cta ttg cgt gac 816  
 Gly Pro Ile Ala Tyr Ile Ile Lys Ala Arg Val Gln Leu Leu Arg Asp  
 260 265 270  
 atg ggg gca gcc ata tcg cca ttt aac tcg ttt tta ctg ttg caa ggg 864  
 Met Gly Ala Ala Ile Ser Pro Phe Asn Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly  
 275 280 285  
 ttg gaa acg ttg cat tta cgg atg gag aga cat agt gaa aat gcc tac 912  
 Leu Glu Thr Leu His Leu Arg Met Glu Arg His Ser Glu Asn Ala Tyr  
 290 295 300  
 aaa gta gca gag ttc ctt gag caa cat caa gcg gtc gaa tcg gtg agc 960  
 Lys Val Ala Glu Phe Leu Glu Gln His Gln Ala Val Glu Ser Val Ser  
 305 310 315 320  
 tac tct gga ctg cca tcc cat cca tcc tac cca tta gcg aaa aaa tac 1008  
 Tyr Ser Gly Leu Pro Ser His Pro Ser Tyr Pro Leu Ala Lys Lys Tyr  
 325 330 335  
 tta cct aaa ggc caa ggg gct atc tta acg ttc gag gta aag ggc ggc 1056  
 Leu Pro Lys Gly Gln Gly Ala Ile Leu Thr Phe Glu Val Lys Gly Gly  
 340 345 350  
 gtt gaa gca gga aag aaa ctc att cat tcg gtc cag cta ttc tcc cac 1104  
 Val Glu Ala Gly Lys Lys Leu Ile His Ser Val Gln Leu Phe Ser His  
 355 360 365  
 ctt gcc aac gta ggt gat tca aaa tcg ttg atc atc cat cct gca agc 1152  
 Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser Lys Ser Leu Ile Ile His Pro Ala Ser  
 370 375 380  
 acg acc cac caa cag ctc tcg gaa gca gaa cag cga gac gca gga gtg 1200  
 Thr Thr His Gln Gln Leu Ser Glu Ala Glu Gln Arg Asp Ala Gly Val  
 385 390 395 400  
 aca cct ggg atg atc aga ctt tcg gta gga acc gaa tcg att cat gat 1248  
 Thr Pro Gly Met Ile Arg Leu Ser Val Gly Thr Glu Ser Ile His Asp  
 405 410 415  
 att atc acc gat ctc aaa cag gcg att gag gcg agt caa gcg taa 1293  
 Ile Ile Thr Asp Leu Lys Gln Ala Ile Glu Ala Ser Gln Ala  
 420 425 430

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 430

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Bacillus halodurans

&lt;400&gt; 8

Met Asn His Glu Asn Gln Trp Gln Leu Glu Thr Lys Ala Val His Ser  
 1 5 10 15

Gly Gln Glu Ile Asp Pro Thr Thr Leu Ser Arg Ala Val Pro Leu Tyr  
 20 25 30

Gln Thr Thr Ser Tyr Gly Phe Lys Asp Thr Asp His Ala Ala Asn Leu  
 35 40 45

Phe Ser Leu Ser Glu Phe Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Leu Met Asn Pro  
 50 55 60

Thr Thr Asp Val Phe Glu Lys Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ala  
 65 70 75 80

Ala Ala Leu Ala Thr Ala Ser Gly Gln Ala Ala Ile Thr Tyr Ser Ile  
 85 90 95

Leu Asn Ile Ala Glu Ala Gly Asp Glu Ile Val Ser Ala Ser Ser Leu  
 100 105 110

Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Ser Ile Thr Leu Pro Lys Leu Gly  
 115 120 125

Val Asn Val Arg Phe Val Asp Pro Ser Asp Pro Glu Asn Phe Lys Ala  
 130 135 140

Ala Ile Thr Glu Lys Thr Lys Ala Ile Phe Ala Glu Ser Ile Gly Asn  
 145 150 155 160

Pro Lys Gly Asp Val Leu Asp Ile Glu Ala Val Ala Lys Val Ala His  
 165 170 175

Asp His His Leu Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Phe Pro Ser Pro Tyr  
 180 185 190

Leu Leu Gln Pro Ile Lys His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala  
 195 200 205

Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Ile Gly Gly Ile Ile Val  
 210 215 220

Asp Gly Gly Thr Phe Asp Trp Ala Lys Thr Asp Arg Tyr Pro Gly Leu  
 225 230 235 240

Thr Thr Pro Asp Pro Ser Tyr His Gly Val Val Tyr Thr Asp Ala Val  
 245 250 255

Gly Pro Ile Ala Tyr Ile Ile Lys Ala Arg Val Gln Leu Leu Arg Asp

260

265

270

Met Gly Ala Ala Ile Ser Pro Phe Asn Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly  
275 280 285

Leu Glu Thr Leu His Leu Arg Met Glu Arg His Ser Glu Asn Ala Tyr  
290 295 300

Lys Val Ala Glu Phe Leu Glu Gln His Gln Ala Val Glu Ser Val Ser  
305 310 315 320

Tyr Ser Gly Leu Pro Ser His Pro Ser Tyr Pro Leu Ala Lys Lys Tyr  
325 330 335

Leu Pro Lys Gly Gln Gly Ala Ile Leu Thr Phe Glu Val Lys Gly Gly  
340 345 350

Val Glu Ala Gly Lys Lys Leu Ile His Ser Val Gln Leu Phe Ser His  
355 360 365

Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser Lys Ser Leu Ile Ile His Pro Ala Ser  
370 375 380

Thr Thr His Gln Gln Leu Ser Glu Ala Glu Gln Arg Asp Ala Gly Val  
385 390 395 400

Thr Pro Gly Met Ile Arg Leu Ser Val Gly Thr Glu Ser Ile His Asp  
405 410 415

Ile Ile Thr Asp Leu Lys Gln Ala Ile Glu Ala Ser Gln Ala  
420 425 430

&lt;210&gt; 9

&lt;211&gt; 1203

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Bacillus stearothermophilus

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1203)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 9

atg tcg tat gta ttc cgc gac agc gag cac gcg gcc aat ttg ttt ggt	48
Met Ser Tyr Val Phe Arg Asp Ser Glu His Ala Ala Asn Leu Phe Gly	
1 5 10 15	
ttg aaa gag gaa ggt ttt att tat acg cgc att atg aat cca acg aac	96
Leu Lys Glu Glu Gly Phe Ile Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro Thr Asn	
20 25 30	
gac gtg ttc gaa aag cgg atc gcg gcg ctt gaa ggc ggc att ggg gcg	144
Asp Val Phe Glu Lys Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ile Gly Ala	
35 40 45	
ctc gcg ctg tca tcg ggg cag gcg gcg gtg ttt tat tcg atc atc aac	192
Leu Ala Leu Ser Ser Gly Gln Ala Ala Val Phe Tyr Ser Ile Ile Asn	
50 55 60	
atc gcc tcg gcg ggc gat gaa atc gtc tcg tct tcg tcc att tac ggc	240
Ile Ala Ser Ala Gly Asp Glu Ile Val Ser Ser Ser Ser Ile Tyr Gly	
65 70 75 80	
gga acg tac aac ttg ttc gcc cat acg ctg cgc aag ttc ggc att acg	288
Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Ala His Thr Leu Arg Lys Phe Gly Ile Thr	
85 90 95	
gtg aag ttt gtc gat ccg tcc gac ccc gaa aac ttt gag cgg gcg atc	336
Val Lys Phe Val Asp Pro Ser Asp Pro Glu Asn Phe Glu Arg Ala Ile	
100 105 110	
acc gac aaa acg aaa gcc ttg ttt gcg gaa acg atc ggc aac ccg aaa	384
Thr Asp Lys Thr Lys Ala Leu Phe Ala Glu Thr Ile Gly Asn Pro Lys	
115 120 125	
aac gat gtg ttg gac att gaa gcg gtg gcc gac atc gcc cat cgc cat	432
Asn Asp Val Leu Asp Ile Glu Ala Val Ala Asp Ile Ala His Arg His	
130 135 140	
gcc att ccg ctc att gtc gac aac acg gtg gcc agt cca tac tta ttg	480
Ala Ile Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Val Ala Ser Pro Tyr Leu Leu	
145 150 155 160	
cgg ccg att gaa ttc ggc gcc gat atc gtc gtc cac tca gcg acg aag	528
Arg Pro Ile Glu Phe Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala Thr Lys	
165 170 175	
ttc atc ggc ggg cac ggc aat tcg atc ggc ggt gtg att gtg gac agc	576
Phe Ile Gly Gly His Gly Asn Ser Ile Gly Gly Val Ile Val Asp Ser	
180 185 190	
ggc aag ttt gac tgg aaa ggg agc ggc aag ttt ccg gag ttc acc gag	624
Gly Lys Phe Asp Trp Lys Gly Ser Gly Lys Phe Pro Glu Phe Thr Glu	
195 200 205	
cca gac cca agc tac cac ggt ttg gtg tat gtg gac gcc gtc ggc gaa	672
Pro Asp Pro Ser Tyr His Gly Leu Val Tyr Val Asp Ala Val Gly Glu	
210 215 220	
gcg gcg tac atc acg aaa gcg cgc atc cag ctc ttg cgc gat ttg gga	720
Ala Ala Tyr Ile Thr Lys Ala Arg Ile Gln Leu Leu Arg Asp Leu Gly	
225 230 235 240	
gcg gcg ttg tcg ccg ttt aat gcg ttt ttg ctt ttg caa ggg ttg gag	768
Ala Ala Leu Ser Pro Phe Asn Ala Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu	

245	250	255	
acg ctc cat ttg cgg atg cag cgc cat agc gaa aac gcc ctt gcc gtc Thr Leu His Leu Arg Met Gln Arg His Ser Glu Asn Ala Leu Ala Val 260 265 270			816
gcc aag ttt tta gaa gag gaa gaa gcg gtc gaa tcg gtc aat tac cca Ala Lys Phe Leu Glu Glu Glu Glu Ala Val Glu Ser Val Asn Tyr Pro 275 280 285			864
ggg ctt ccg agc cat ccg tcg cat gaa ctg gcg aaa aaa tat ttg cca Gly Leu Pro Ser His Pro Ser His Glu Leu Ala Lys Lys Tyr Leu Pro 290 295 300			912
aac ggg caa gga gcg atc gtc acg ttt gaa atc aaa ggc ggc gtc gaa Asn Gly Gln Gly Ala Ile Val Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Val Glu 305 310 315 320			960
gcc ggc aaa aaa ctg atc gac tcg gtc aaa ctg ttc tct cat ttg gcc Ala Gly Lys Lys Leu Ile Asp Ser Val Lys Leu Phe Ser His Leu Ala 325 330 335			1008
aac atc ggc gat tcg aaa tcg ctc atc atc cac ccg gcc agc aca acg Asn Ile Gly Asp Ser Lys Ser Leu Ile Ile His Pro Ala Ser Thr Thr 340 345 350			1056
cac gag cag ctg agc cca gat gaa cag ctg tcc gcc ggc gtc acc cca His Glu Gln Leu Ser Pro Asp Glu Gln Leu Ser Ala Gly Val Thr Pro 355 360 365			1104
ggc ctt gtg cgt ctg tcc gtc ggc aca gaa gcg atc gac gac att ttg Gly Leu Val Arg Leu Ser Val Gly Thr Glu Ala Ile Asp Asp Ile Leu 370 375 380			1152
gac gac ttg cgc caa gcc att cgc caa agc cag acg gtg ggg gtg aag Asp Asp Leu Arg Gln Ala Ile Arg Gln Ser Gln Thr Val Gly Val Lys 385 390 395 400			1200
tag			1203

&lt;210&gt; 10

&lt;211&gt; 400

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Bacillus stearothermophilus

&lt;400&gt; 10

Met	Ser	Tyr	Val	Phe	Arg	Asp	Ser	Glu	His	Ala	Ala	Asn	Leu	Phe	Gly
1				5					10					15	

Leu	Lys	Glu	Glu	Gly	Phe	Ile	Tyr	Thr	Arg	Ile	Met	Asn	Pro	Thr	Asn
		20						25					30		

Asp	Val	Phe	Glu	Lys	Arg	Ile	Ala	Ala	Leu	Glu	Gly	Gly	Ile	Gly	Ala
	35						40					45			



Leu Ala Leu Ser Ser Gly Gln Ala Ala Val Phe Tyr Ser Ile Ile Asn  
50 55 60

Ile Ala Ser Ala Gly Asp Glu Ile Val Ser Ser Ser Ser Ile Tyr Gly  
65 70 75 80

Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Ala His Thr Leu Arg Lys Phe Gly Ile Thr  
85 90 95

Val Lys Phe Val Asp Pro Ser Asp Pro Glu Asn Phe Glu Arg Ala Ile  
100 105 110

Thr Asp Lys Thr Lys Ala Leu Phe Ala Glu Thr Ile Gly Asn Pro Lys  
115 120 125

Asn Asp Val Leu Asp Ile Glu Ala Val Ala Asp Ile Ala His Arg His  
130 135 140

Ala Ile Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Val Ala Ser Pro Tyr Leu Leu  
145 150 155 160

Arg Pro Ile Glu Phe Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala Thr Lys  
165 170 175

Phe Ile Gly Gly His Gly Asn Ser Ile Gly Gly Val Ile Val Asp Ser  
180 185 190

Gly Lys Phe Asp Trp Lys Gly Ser Gly Lys Phe Pro Glu Phe Thr Glu  
195 200 205

Pro Asp Pro Ser Tyr His Gly Leu Val Tyr Val Asp Ala Val Gly Glu  
210 215 220

Ala Ala Tyr Ile Thr Lys Ala Arg Ile Gln Leu Leu Arg Asp Leu Gly  
225 230 235 240

Ala Ala Leu Ser Pro Phe Asn Ala Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu  
245 250 255

Thr Leu His Leu Arg Met Gln Arg His Ser Glu Asn Ala Leu Ala Val  
260 265 270

Ala Lys Phe Leu Glu Glu Glu Glu Ala Val Glu Ser Val Asn Tyr Pro  
275 280 285

Gly Leu Pro Ser His Pro Ser His Glu Leu Ala Lys Lys Tyr Leu Pro  
 290 295 300

Asn Gly Gln Gly Ala Ile Val Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Val Glu  
 305 310 315 320

Ala Gly Lys Lys Leu Ile Asp Ser Val Lys Leu Phe Ser His Leu Ala  
 325 330 335

Asn Ile Gly Asp Ser Lys Ser Leu Ile Ile His Pro Ala Ser Thr Thr  
 340 345 350

His Glu Gln Leu Ser Pro Asp Glu Gln Leu Ser Ala Gly Val Thr Pro  
 355 360 365

Gly Leu Val Arg Leu Ser Val Gly Thr Glu Ala Ile Asp Asp Ile Leu  
 370 375 380

Asp Asp Leu Arg Gln Ala Ile Arg Gln Ser Gln Thr Val Gly Val Lys  
 385 390 395 400

<210> 11

<211> 1290

<212> DNA

<213> Chlorobium tepidum

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1290)

<223>

<400> 11

atg agt gag gat aac acc ttc cgg ttc gag acc ttg cag gtt cac gcc	48
Met Ser Glu Asp Asn Thr Phe Arg Phe Glu Thr Leu Gln Val His Ala	
1 5 10 15	

ggg cag gag cct gat ccg gtg acc gga tcg cgc gcc gtg ccc att tac	96
Gly Gln Glu Pro Asp Pro Val Thr Gly Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr	
20 25 30	

cag acc acc tcc tac gtg ttc gag aac gcc gag cac ggc gct gac ctg	144
Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Glu Asn Ala Glu His Gly Ala Asp Leu	
35 40 45	

ttc gcg ctt cgc aag gcg ggc aat atc tac acg cgc ctg atg aac ccg	192
Phe Ala Leu Arg Lys Ala Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Leu Met Asn Pro	

50	55	60	
acc acc gac gtg ctc gaa aag cgc atg gcg gcg ctc gaa ggg ggc aag			240
Thr Thr Asp Val Leu Glu Lys Arg Met Ala Ala Leu Glu Gly Gly Lys			
65	70	75	80
gcg gcc ctc ggc gtg gcg agc ggc cac tcg gcg cag ttc atc gct att			288
Ala Ala Leu Gly Val Ala Ser Gly His Ser Ala Gln Phe Ile Ala Ile			
	85	90	95
gcc acc atc tgc cag gct gga gac aac att gtg tca tcg agc tat ctc			336
Ala Thr Ile Cys Gln Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Ser Ser Tyr Leu			
	100	105	110
tac ggc ggc acc tac aac cag ttc aag gtc gcc ttc aag cgc ctc ggc			384
Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Val Ala Phe Lys Arg Leu Gly			
	115	120	125
atc gag gtg agg ttc gtg gat ggc aac gat cag gag gcg ttc cgc aag			432
Ile Glu Val Arg Phe Val Asp Gly Asn Asp Gln Glu Ala Phe Arg Lys			
	130	135	140
gct atc gac gag aac acg aaa gcg ctc tac atg gag tcc agc ggc aat			480
Ala Ile Asp Glu Asn Thr Lys Ala Leu Tyr Met Glu Ser Ser Gly Asn			
	145	150	160
ccg gcg ttc cat gtg ccc gat ttc gac gct atc gcg aag att gcc cgt			528
Pro Ala Phe His Val Pro Asp Phe Asp Ala Ile Ala Lys Ile Ala Arg			
	165	170	175
gag aac ggc att ccg ctg atc gtc gat aac acc ttt ggc tgc gcg ggc			576
Glu Asn Gly Ile Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Phe Gly Cys Ala Gly			
	180	185	190
tat ctc tgc cgt ccc att gat cac ggc gcg tcg atc gtg gtc gag tcg			624
Tyr Leu Cys Arg Pro Ile Asp His Gly Ala Ser Ile Val Val Glu Ser			
	195	200	205
gcc acc aag tgg atc ggc ggg cac ggc acc tcg atg ggc ggc atc atc			672
Ala Thr Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Met Gly Gly Ile Ile			
	210	215	220
gtc gat gcc gga acg ttc gac tgg ggc aac ggc aag ttt ccg ctc ttt			720
Val Asp Ala Gly Thr Phe Asp Trp Gly Asn Gly Lys Phe Pro Leu Phe			
	225	230	235
acc gag cca tcg gaa ggc tat cac ggc ctg aaa ttc tac gaa gcg gtc			768
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Lys Phe Tyr Glu Ala Val			
	245	250	255
ggc gag ctg gcc ttt atc atc cgg gcg cgg gtc gag gga ctg cgg gat			816
Gly Glu Leu Ala Phe Ile Ile Arg Ala Arg Val Glu Gly Leu Arg Asp			
	260	265	270
ttc ggc ccg gcg atc agc ccg ttc aac tcc ttc atg ctg ttg cag gga			864
Phe Gly Pro Ala Ile Ser Pro Phe Asn Ser Phe Met Leu Leu Gln Gly			
	275	280	285
ctt gaa acg ctc tcg ctt cgc gtg cag cgc cac ctc gac aac acg ctt			912
Leu Glu Thr Leu Ser Leu Arg Val Gln Arg His Leu Asp Asn Thr Leu			
	290	295	300
gaa ctg gcc cgc tgg ctc gaa agg cac gat gcg gtt gcg tgg gtg aac			960

Glu Leu Ala Arg Trp Leu Glu Arg His Asp Ala Val Ala Trp Val Asn  
 305 310 315 320  
 tat cca ggc ctc gaa agc cat ccg aca cac gcc ctg gca aaa aaa tat 1008  
 Tyr Pro Gly Leu Glu Ser His Pro Thr His Ala Leu Ala Lys Lys Tyr  
 325 330 335  
 ctc acg cat ggc ttc ggc tgc gtg ctg act ttc ggc gtg aag ggt ggt 1056  
 Leu Thr His Gly Phe Gly Cys Val Leu Thr Phe Gly Val Lys Gly Gly  
 340 345 350  
 tat gaa aac gcg gtg aag ttc atc gac agc gtg aag ctg gcg agc cac 1104  
 Tyr Glu Asn Ala Val Lys Phe Ile Asp Ser Val Lys Leu Ala Ser His  
 355 360 365  
 ctg gcc aac gtg ggt gat gca aaa acg ctc gtc att cat ccg gca tcg 1152  
 Leu Ala Asn Val Gly Asp Ala Lys Thr Leu Val Ile His Pro Ala Ser  
 370 375 380  
 acg acg cac cag cag ctc agc gcc gag gaa cag gta tcg gcg ggc gtc 1200  
 Thr Thr His Gln Gln Leu Ser Ala Glu Glu Gln Val Ser Ala Gly Val  
 385 390 395 400  
 acc gcc gat atg gtg cgc gtg tcg gtt ggt atc gag cat atc gat gac 1248  
 Thr Ala Asp Met Val Arg Val Ser Val Gly Ile Glu His Ile Asp Asp  
 405 410 415  
 atc aag gct gat ttc agc cag gct ttc gag aat tta gca tga 1290  
 Ile Lys Ala Asp Phe Ser Gln Ala Phe Glu Asn Leu Ala  
 420 425

&lt;210&gt; 12

&lt;211&gt; 429

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Chlorobium tepidum

&lt;400&gt; 12

Met Ser Glu Asp Asn Thr Phe Arg Phe Glu Thr Leu Gln Val His Ala  
 1 5 10 15  
 Gly Gln Glu Pro Asp Pro Val Thr Gly Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
 20 25 30  
 Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Glu Asn Ala Glu His Gly Ala Asp Leu  
 35 40 45  
 Phe Ala Leu Arg Lys Ala Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Leu Met Asn Pro  
 50 55 60  
 Thr Thr Asp Val Leu Glu Lys Arg Met Ala Ala Leu Glu Gly Gly Lys  
 65 70 75 80

Ala Ala Leu Gly Val Ala Ser Gly His Ser Ala Gln Phe Ile Ala Ile  
85 90 95

Ala Thr Ile Cys Gln Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Ser Ser Tyr Leu  
100 105 110

Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Val Ala Phe Lys Arg Leu Gly  
115 120 125

Ile Glu Val Arg Phe Val Asp Gly Asn Asp Gln Glu Ala Phe Arg Lys  
130 135 140

Ala Ile Asp Glu Asn Thr Lys Ala Leu Tyr Met Glu Ser Ser Gly Asn  
145 150 155 160

Pro Ala Phe His Val Pro Asp Phe Asp Ala Ile Ala Lys Ile Ala Arg  
165 170 175

Glu Asn Gly Ile Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Phe Gly Cys Ala Gly  
180 185 190

Tyr Leu Cys Arg Pro Ile Asp His Gly Ala Ser Ile Val Val Glu Ser  
195 200 205

Ala Thr Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Met Gly Gly Ile Ile  
210 215 220

Val Asp Ala Gly Thr Phe Asp Trp Gly Asn Gly Lys Phe Pro Leu Phe  
225 230 235 240

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Lys Phe Tyr Glu Ala Val  
245 250 255

Gly Glu Leu Ala Phe Ile Ile Arg Ala Arg Val Glu Gly Leu Arg Asp  
260 265 270

Phe Gly Pro Ala Ile Ser Pro Phe Asn Ser Phe Met Leu Leu Gln Gly  
275 280 285

Leu Glu Thr Leu Ser Leu Arg Val Gln Arg His Leu Asp Asn Thr Leu  
290 295 300

Glu Leu Ala Arg Trp Leu Glu Arg His Asp Ala Val Ala Trp Val Asn  
305 310 315 320

Tyr Pro Gly Leu Glu Ser His Pro Thr His Ala Leu Ala Lys Lys Tyr  
325 330 335

Leu Thr His Gly Phe Gly Cys Val Leu Thr Phe Gly Val Lys Gly Gly  
 340 345 350

Tyr Glu Asn Ala Val Lys Phe Ile Asp Ser Val Lys Leu Ala Ser His  
 355 360 365

Leu Ala Asn Val Gly Asp Ala Lys Thr Leu Val Ile His Pro Ala Ser  
 370 375 380

Thr Thr His Gln Gln Leu Ser Ala Glu Glu Gln Val Ser Ala Gly Val  
 385 390 395 400

Thr Ala Asp Met Val Arg Val Ser Val Gly Ile Glu His Ile Asp Asp  
 405 410 415

Ile Lys Ala Asp Phe Ser Gln Ala Phe Glu Asn Leu Ala  
 420 425

<210> 13

<211> 1281

<212> DNA

<213> Lactococcus lactis

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1281)

<223>

<400> 13

atg	act	aat	cac	aat	tat	aaa	ttc	gac	act	ttg	caa	gtc	cat	gca	gga	48
Met	Thr	Asn	His	Asn	Tyr	Lys	Phe	Asp	Thr	Leu	Gln	Val	His	Ala	Gly	
1				5					10					15		

caa	gtc	cct	gat	cct	gtc	acg	ggg	tca	cgc	gcc	gtt	ccg	ctc	tat	caa	96
Gln	Val	Pro	Asp	Pro	Val	Thr	Gly	Ser	Arg	Ala	Val	Pro	Leu	Tyr	Gln	
		20						25				30				

aca	act	tct	ttc	gtt	ttt	aac	aat	tca	gac	cat	gcc	gaa	gct	cgt	ttt	144
Thr	Thr	Ser	Phe	Val	Phe	Asn	Asn	Ser	Asp	His	Ala	Glu	Ala	Arg	Phe	
		35				40					45					

gct	tta	caa	gat	cct	gga	gct	att	tat	tca	cgt	tta	gga	aat	cca	acc	192
Ala	Leu	Gln	Asp	Pro	Gly	Ala	Ile	Tyr	Ser	Arg	Leu	Gly	Asn	Pro	Thr	
	50					55					60					

aac gat gtt ttt gaa gca cgc atc gca gct ctt gaa ggt gga agt gca Asn Asp Val Phe Glu Ala Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ser Ala 65 70 75 80	240
gcc ctt ggt gtt ggt tct ggc tca gcc gct att acc tat gcc atc ttg Ala Leu Gly Val Gly Ser Gly Ser Ala Ala Ile Thr Tyr Ala Ile Leu 85 90 95	288
aat atc gct aca gtc ggt gat aat att gtt tcc gca agt acc ctt tat Asn Ile Ala Thr Val Gly Asp Asn Ile Val Ser Ala Ser Thr Leu Tyr 100 105 110	336
ggt gga acc tat cac ctt ttt tct ggg act tta cca aaa tat gga att Gly Gly Thr Tyr His Leu Phe Ser Gly Thr Leu Pro Lys Tyr Gly Ile 115 120 125	384
aca act aaa ttt gtc aat cca gat gac ccg aag aat ttt gaa gag gcg Thr Thr Lys Phe Val Asn Pro Asp Asp Pro Lys Asn Phe Glu Glu Ala 130 135 140	432
att gat gaa aaa acc aaa gct att tat tat gaa act ttg ggc aat ccg Ile Asp Glu Lys Thr Lys Ala Ile Tyr Tyr Glu Thr Leu Gly Asn Pro 145 150 155 160	480
gga aat aat gtg att gat tat gat gcc att ggt caa att gct aaa aaa Gly Asn Asn Val Ile Asp Tyr Asp Ala Ile Gly Gln Ile Ala Lys Lys 165 170 175	528
cat gga att ccc gtt att gtt gat gca acg ttt act acc cct gtg acc His Gly Ile Pro Val Ile Val Asp Ala Thr Phe Thr Thr Pro Val Thr 180 185 190	576
ttt aaa cca ttt gaa cat ggt gct aat gta att gtt cat tca gca acg Phe Lys Pro Phe Glu His Gly Ala Asn Val Ile Val His Ser Ala Thr 195 200 205	624
aaa ttc att ggc ggt cat ggt act tct att ggt gga gtc atc gtt gat Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Ile Gly Gly Val Ile Val Asp 210 215 220	672
ggc gga aac ttt gat tgg gca aat ggt aat ttt cct gat ttt aca caa Gly Gly Asn Phe Asp Trp Ala Asn Gly Asn Phe Pro Asp Phe Thr Gln 225 230 235 240	720
gct gat gaa agc tac aat ggg att aaa ttt gcc gaa ttg ggt gaa att Ala Asp Glu Ser Tyr Asn Gly Ile Lys Phe Ala Glu Leu Gly Glu Ile 245 250 255	768
gct ttt gtg act cgg gtt aga gct att tta tta cgt gat acg ggt gcg Ala Phe Val Thr Arg Val Arg Ala Ile Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ala 260 265 270	816
gct tta tca cct ttt cat tct tgg ctt ttc tta cag ggg cta gaa aca Ala Leu Ser Pro Phe His Ser Trp Leu Phe Leu Gln Gly Leu Glu Thr 275 280 285	864
ctc tca ctc cgg gta gaa cgt cac atc tcc aat act aaa aag att gta Leu Ser Leu Arg Val Glu Arg His Ile Ser Asn Thr Lys Lys Ile Val 290 295 300	912

gaa ttt tta gac aat cat cct aag gtg gaa ctt gtt aac cat cct ctg 960  
 Glu Phe Leu Asp Asn His Pro Lys Val Glu Leu Val Asn His Pro Leu  
 305 310 315 320

ctt gaa agt aat tcc tat cat gcg ctc tat cag aaa tat tat cca aaa 1008  
 Leu Glu Ser Asn Ser Tyr His Ala Leu Tyr Gln Lys Tyr Tyr Pro Lys  
 325 330 335

gat gct gga tct atc ttt acc ttt gaa ctc aaa gac aaa gat gag aaa 1056  
 Asp Ala Gly Ser Ile Phe Thr Phe Glu Leu Lys Asp Lys Asp Glu Lys  
 340 345 350

aaa gcg cgt gat ttg att gat cat ctt gaa att ttc tca ctt cta gcc 1104  
 Lys Ala Arg Asp Leu Ile Asp His Leu Glu Ile Phe Ser Leu Leu Ala  
 355 360 365

aac gtt gga gat acc aaa tca ttg gcc att cat cct gct tcg acc act 1152  
 Asn Val Gly Asp Thr Lys Ser Leu Ala Ile His Pro Ala Ser Thr Thr  
 370 375 380

cac cag cag ctg aat gcc gaa gaa ctt gct agt gca ggg att tcc aaa 1200  
 His Gln Gln Leu Asn Ala Glu Glu Leu Ala Ser Ala Gly Ile Ser Lys  
 385 390 395 400

gga acc att cga tta tcg gtt ggt att gaa gat gta act gac ttg att 1248  
 Gly Thr Ile Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Thr Asp Leu Ile  
 405 410 415

gct gat tta gag caa gca tta gaa aaa ata taa 1281  
 Ala Asp Leu Glu Gln Ala Leu Glu Lys Ile  
 420 425

<210> 14

<211> 426

<212> PRT

<213> Lactococcus lactis

<400> 14

Met Thr Asn His Asn Tyr Lys Phe Asp Thr Leu Gln Val His Ala Gly  
 1 5 10 15

Gln Val Pro Asp Pro Val Thr Gly Ser Arg Ala Val Pro Leu Tyr Gln  
 20 25 30

Thr Thr Ser Phe Val Phe Asn Asn Ser Asp His Ala Glu Ala Arg Phe  
 35 40 45

Ala Leu Gln Asp Pro Gly Ala Ile Tyr Ser Arg Leu Gly Asn Pro Thr  
 50 55 60

Asn Asp Val Phe Glu Ala Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ser Ala



65					70					75					80
Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Ser	Gly	Ser	Ala	Ala	Ile	Thr	Tyr	Ala	Ile	Leu
				85					90					95	
Asn	Ile	Ala	Thr	Val	Gly	Asp	Asn	Ile	Val	Ser	Ala	Ser	Thr	Leu	Tyr
			100					105					110		
Gly	Gly	Thr	Tyr	His	Leu	Phe	Ser	Gly	Thr	Leu	Pro	Lys	Tyr	Gly	Ile
		115					120					125			
Thr	Thr	Lys	Phe	Val	Asn	Pro	Asp	Asp	Pro	Lys	Asn	Phe	Glu	Glu	Ala
	130					135					140				
Ile	Asp	Glu	Lys	Thr	Lys	Ala	Ile	Tyr	Tyr	Glu	Thr	Leu	Gly	Asn	Pro
145					150					155					160
Gly	Asn	Asn	Val	Ile	Asp	Tyr	Asp	Ala	Ile	Gly	Gln	Ile	Ala	Lys	Lys
				165					170					175	
His	Gly	Ile	Pro	Val	Ile	Val	Asp	Ala	Thr	Phe	Thr	Thr	Pro	Val	Thr
			180					185					190		
Phe	Lys	Pro	Phe	Glu	His	Gly	Ala	Asn	Val	Ile	Val	His	Ser	Ala	Thr
		195					200					205			
Lys	Phe	Ile	Gly	Gly	His	Gly	Thr	Ser	Ile	Gly	Gly	Val	Ile	Val	Asp
	210					215					220				
Gly	Gly	Asn	Phe	Asp	Trp	Ala	Asn	Gly	Asn	Phe	Pro	Asp	Phe	Thr	Gln
225					230					235					240
Ala	Asp	Glu	Ser	Tyr	Asn	Gly	Ile	Lys	Phe	Ala	Glu	Leu	Gly	Glu	Ile
				245					250					255	
Ala	Phe	Val	Thr	Arg	Val	Arg	Ala	Ile	Leu	Leu	Arg	Asp	Thr	Gly	Ala
			260					265					270		
Ala	Leu	Ser	Pro	Phe	His	Ser	Trp	Leu	Phe	Leu	Gln	Gly	Leu	Glu	Thr
		275					280					285			
Leu	Ser	Leu	Arg	Val	Glu	Arg	His	Ile	Ser	Asn	Thr	Lys	Lys	Ile	Val
	290					295					300				
Glu	Phe	Leu	Asp	Asn	His	Pro	Lys	Val	Glu	Leu	Val	Asn	His	Pro	Leu
305				310					315						320

Leu Glu Ser Asn Ser Tyr His Ala Leu Tyr Gln Lys Tyr Tyr Pro Lys  
 325 330 335

Asp Ala Gly Ser Ile Phe Thr Phe Glu Leu Lys Asp Lys Asp Glu Lys  
 340 345 350

Lys Ala Arg Asp Leu Ile Asp His Leu Glu Ile Phe Ser Leu Leu Ala  
 355 360 365

Asn Val Gly Asp Thr Lys Ser Leu Ala Ile His Pro Ala Ser Thr Thr  
 370 375 380

His Gln Gln Leu Asn Ala Glu Glu Leu Ala Ser Ala Gly Ile Ser Lys  
 385 390 395 400

Gly Thr Ile Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Thr Asp Leu Ile  
 405 410 415

Ala Asp Leu Glu Gln Ala Leu Glu Lys Ile  
 420 425

<210> 15

<211> 1173

<212> DNA

<213> *Synechococcus* sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1173)

<223>

<400> 15  
 atg tct cag cgt ttc gaa acc ctc cag ctg cat gcc ggc cag tct cca 48  
 Met Ser Gln Arg Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Ser Pro  
 1 5 10 15  
 gac tcg gcc acc aat gcc aga gcg gtg ccg att tat cag acc agc tcc 96  
 Asp Ser Ala Thr Asn Ala Arg Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Ser Ser  
 20 25 30  
 tac gtc ttc aac gac gcc gag cac ggc gcc aac ctg ttt gga ctg aag 144  
 Tyr Val Phe Asn Asp Ala Glu His Gly Ala Asn Leu Phe Gly Leu Lys  
 35 40 45  
 gaa ttc ggc aac atc tac acc cgt ctg atg aac ccg acg acg gat gtg 192  
 Glu Phe Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Leu Met Asn Pro Thr Thr Asp Val

50	55	60	
ttc gag aag cgg gtg gcg gcc ctg gaa ggg ggt gtg gcc gcg ctg gcc Phe Glu Lys Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Ala Ala Leu Ala 65 70 75 80			240
aca gcc tcc ggt cag tcg gct cag ttc ctg gcg atc acg aat tgc atg Thr Ala Ser Gly Gln Ser Ala Gln Phe Leu Ala Ile Thr Asn Cys Met 85 90 95			288
cag gca ggg gat aac ttt gtg tcc acg tcg ttc ctt tac ggc ggc acc Gln Ala Gly Asp Asn Phe Val Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Gly Gly Thr 100 105 110			336
tac aac cag ttc aaa gtg caa ttc ccc cgg ctg ggc atc gac gtg cgc Tyr Asn Gln Phe Lys Val Gln Phe Pro Arg Leu Gly Ile Asp Val Arg 115 120 125			384
ttc gct gat ggc gac gac gtg gag agc ttt gct gcg cag atc gac gac Phe Ala Asp Gly Asp Asp Val Glu Ser Phe Ala Ala Gln Ile Asp Asp 130 135 140			432
aaa acc aaa ggc ctc tac gtc gaa gcg atg ggc aat cca cgc ttc aac Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Glu Ala Met Gly Asn Pro Arg Phe Asn 145 150 155 160			480
atc ccc gat ttc gag ggc ctc tca gcc ctg gct aaa gag cgc ggc atc Ile Pro Asp Phe Glu Gly Leu Ser Ala Leu Ala Lys Glu Arg Gly Ile 165 170 175			528
cca ttg atc gtg gac aac acc ttg gga gct tgc ggt gcc ctg atg cgt Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Leu Gly Ala Cys Gly Ala Leu Met Arg 180 185 190			576
ccg atc gat cat ggc gcg gat gtg gtg gtg gaa agc gcc acc aag tgg Pro Ile Asp His Gly Ala Asp Val Val Val Glu Ser Ala Thr Lys Trp 195 200 205			624
att ggc ggc cat ggc acc agc ctc ggt ggc gtg atc gtt gat gcc ggc Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Leu Gly Gly Val Ile Val Asp Ala Gly 210 215 220			672
aca ttt aac tgg ggc aat ggc aaa ttc ccg ctg ctg agc caa ccc agt Thr Phe Asn Trp Gly Asn Gly Lys Phe Pro Leu Leu Ser Gln Pro Ser 225 230 235 240			720
gcg gct tat cac ggc ctt gtg cac tgg gat gcc ttc ggc ttc ggc agc Ala Ala Tyr His Gly Leu Val His Trp Asp Ala Phe Gly Phe Gly Ser 245 250 255			768
gac gtc tgc aag atg ctg gga gtg ccg gac aac cgc aac gtc gcc ttt Asp Val Cys Lys Met Leu Gly Val Pro Asp Asn Arg Asn Val Ala Phe 260 265 270			816
gcc ctg cga gcc cgg gtc gag ggt cta ccg gac tgg ggt ccg gcg gtt Ala Leu Arg Ala Arg Val Glu Gly Leu Arg Asp Trp Gly Pro Ala Val 275 280 285			864
agt ccc ttc aat agc ttc ctg ctg ctg caa ggt cta gaa acc ctc agc Ser Pro Phe Asn Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu Thr Leu Ser 290 295 300			912
ctg ccg gtg gag cgc cac acg gag aac gcc atg gcg ctg gcc acc tgg			960

Leu Arg Val Glu Arg His Thr Glu Asn Ala Met Ala Leu Ala Thr Trp  
 305 310 315 320  
 cta gca acg cac ccc aat gtg gag cat gtg agc tac cca ggc ctg agc 1008  
 Leu Ala Thr His Pro Asn Val Glu His Val Ser Tyr Pro Gly Leu Ser  
 325 330 335  
 agc gat ccg tat cac gca gct gcc aag aaa tac ctg acg ggc cgg ggc 1056  
 Ser Asp Pro Tyr His Ala Ala Ala Lys Lys Tyr Leu Thr Gly Arg Gly  
 340 345 350  
 atg gga tgc atg ctg atg ttc tcg ctc aag ggc ggt tac gac gat gca 1104  
 Met Gly Cys Met Leu Met Phe Ser Leu Lys Gly Gly Tyr Asp Asp Ala  
 355 360 365  
 gtc cgt ttc atc aac agc ctt caa ctg gcc agt cac ctc gcc aat gtg 1152  
 Val Arg Phe Ile Asn Ser Leu Gln Leu Ala Ser His Leu Ala Asn Val  
 370 375 380  
 ggg gat gcc aaa acc tgg tga 1173  
 Gly Asp Ala Lys Thr Trp  
 385 390

&lt;210&gt; 16

&lt;211&gt; 390

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Synechococcus sp.

&lt;400&gt; 16

Met Ser Gln Arg Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Ser Pro  
 1 5 10 15  
 Asp Ser Ala Thr Asn Ala Arg Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Ser Ser  
 20 25 30  
 Tyr Val Phe Asn Asp Ala Glu His Gly Ala Asn Leu Phe Gly Leu Lys  
 35 40 45  
 Glu Phe Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Leu Met Asn Pro Thr Thr Asp Val  
 50 55 60  
 Phe Glu Lys Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Ala Ala Leu Ala  
 65 70 75 80  
 Thr Ala Ser Gly Gln Ser Ala Gln Phe Leu Ala Ile Thr Asn Cys Met  
 85 90 95  
 Gln Ala Gly Asp Asn Phe Val Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Gly Gly Thr  
 100 105 110

Tyr Asn Gln Phe Lys Val Gln Phe Pro Arg Leu Gly Ile Asp Val Arg  
115 120 125

Phe Ala Asp Gly Asp Asp Val Glu Ser Phe Ala Ala Gln Ile Asp Asp  
130 135 140

Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Glu Ala Met Gly Asn Pro Arg Phe Asn  
145 150 155 160

Ile Pro Asp Phe Glu Gly Leu Ser Ala Leu Ala Lys Glu Arg Gly Ile  
165 170 175

Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Leu Gly Ala Cys Gly Ala Leu Met Arg  
180 185 190

Pro Ile Asp His Gly Ala Asp Val Val Val Glu Ser Ala Thr Lys Trp  
195 200 205

Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Leu Gly Gly Val Ile Val Asp Ala Gly  
210 215 220

Thr Phe Asn Trp Gly Asn Gly Lys Phe Pro Leu Leu Ser Gln Pro Ser  
225 230 235 240

Ala Ala Tyr His Gly Leu Val His Trp Asp Ala Phe Gly Phe Gly Ser  
245 250 255

Asp Val Cys Lys Met Leu Gly Val Pro Asp Asn Arg Asn Val Ala Phe  
260 265 270

Ala Leu Arg Ala Arg Val Glu Gly Leu Arg Asp Trp Gly Pro Ala Val  
275 280 285

Ser Pro Phe Asn Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu Thr Leu Ser  
290 295 300

Leu Arg Val Glu Arg His Thr Glu Asn Ala Met Ala Leu Ala Thr Trp  
305 310 315 320

Leu Ala Thr His Pro Asn Val Glu His Val Ser Tyr Pro Gly Leu Ser  
325 330 335

Ser Asp Pro Tyr His Ala Ala Ala Lys Lys Tyr Leu Thr Gly Arg Gly  
340 345 350

Met Gly Cys Met Leu Met Phe Ser Leu Lys Gly Gly Tyr Asp Asp Ala  
355 360 365

Val Arg Phe Ile Asn Ser Leu Gln Leu Ala Ser His Leu Ala Asn Val  
 370 375 380

Gly Asp Ala Lys Thr Trp  
 385 390

<210> 17

<211> 1314

<212> DNA

<213> *Emericella nidulans*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1314)

<223>

<400> 17  
 atg tcc gac cct tca ccg aaa cgt ttc gag acc ctc cag ctc cat gcg 48  
 Met Ser Asp Pro Ser Pro Lys Arg Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala  
 1 5 10 15  
 ggc cag gag cct gac cct gca act aat tcc cgg gct gtc cca atc tat 96  
 Gly Gln Glu Pro Asp Pro Ala Thr Asn Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
 20 25 30  
 gcg aca acg tcc tac acc ttc aat gac tcc gca cac ggc gcc agg ctt 144  
 Ala Thr Thr Ser Tyr Thr Phe Asn Asp Ser Ala His Gly Ala Arg Leu  
 35 40 45  
 ttt ggc ctc aaa gag ttt ggc aat att tac agc cga att atg aat ccc 192  
 Phe Gly Leu Lys Glu Phe Gly Asn Ile Tyr Ser Arg Ile Met Asn Pro  
 50 55 60  
 aca gtc gat gtc ttc gaa aaa cgt att gct gca ctc gag gga ggt gtc 240  
 Thr Val Asp Val Phe Glu Lys Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val  
 65 70 75 80  
 gct gcg gtg gct gcc tca tct ggc cag gca gcc cag ttc atg gcc atc 288  
 Ala Ala Val Ala Ala Ser Ser Gly Gln Ala Ala Gln Phe Met Ala Ile  
 85 90 95  
 tct gct cta gcc cat gct ggt gac aat atc gtt tcc aca agt aat ttg 336  
 Ser Ala Leu Ala His Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Asn Leu  
 100 105 110  
 tat ggt ggt aca tac aat cag ttt aag gtc ctt ttc cca cga ctg gga 384  
 Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Val Leu Phe Pro Arg Leu Gly  
 115 120 125

att acc aca aaa ttc gtg cag gga gac aaa gca gag gac att gcc gcc Ile Thr Thr Lys Phe Val Gln Gly Asp Lys Ala Glu Asp Ile Ala Ala 130 135 140	432
gct atc gat gac cgt acc aag gcc gtc tac gtc gag aca ata gga aac Ala Ile Asp Asp Arg Thr Lys Ala Val Tyr Val Glu Thr Ile Gly Asn 145 150 155 160	480
cct cgc tac aat gtg ccc gac ttt gag gtc att gca aaa gta gcc cat Pro Arg Tyr Asn Val Pro Asp Phe Glu Val Ile Ala Lys Val Ala His 165 170 175	528
gag aag gga att ccc ctt gtg gtt gac aac acc ttc ggt gcc gga ggc Glu Lys Gly Ile Pro Leu Val Val Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly 180 185 190	576
tac ttt gtt cga ccc att gaa cat ggc gcc gac att gtc gtg cac agt Tyr Phe Val Arg Pro Ile Glu His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser 195 200 205	624
gca act aaa tgg att gga ggt cat ggc aca acc atc gga ggc gtt gtc Ala Thr Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Gly Gly Val Val 210 215 220	672
gtg gac agc ggc aaa ttc gac tgg ggc aag aac gcc gcg cgg ttt cct Val Asp Ser Gly Lys Phe Asp Trp Gly Lys Asn Ala Ala Arg Phe Pro 225 230 235 240	720
cag ttc acg cag cct tct gaa ggt tac cac ggg ttg aac ttc tgg gag Gln Phe Thr Gln Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Asn Phe Trp Glu 245 250 255	768
acc ttc ggc ccc att gcc ttc gcg att cgt gtc cgg gtc gaa atc ctg Thr Phe Gly Pro Ile Ala Phe Ala Ile Arg Val Arg Val Glu Ile Leu 260 265 270	816
cgc gac ctc ggg tcc gcg ctg aac cct ttc gcc gcg cag cag ctc atc Arg Asp Leu Gly Ser Ala Leu Asn Pro Phe Ala Ala Gln Gln Leu Ile 275 280 285	864
ctg ggt ctg gaa acc cta agc ttg cgc gct gag cgt cat gct tcc aac Leu Gly Leu Glu Thr Leu Ser Leu Arg Ala Glu Arg His Ala Ser Asn 290 295 300	912
gct ctg gcc ctc gcc aac tgg cta aag aag aat gat cac gtc agc tgg Ala Leu Ala Leu Ala Asn Trp Leu Lys Lys Asn Asp His Val Ser Trp 305 310 315 320	960
gtt tct tac gtg ggc cta gaa gag cac tcc agc cac gaa gtt gca aag Val Ser Tyr Val Gly Leu Glu Glu His Ser Ser His Glu Val Ala Lys 325 330 335	1008
aag tac ctc aag cgt ggg ttc ggc ggt gtc cta tcc ttt ggt gtc aag Lys Tyr Leu Lys Arg Gly Phe Gly Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Lys 340 345 350	1056
ggt gag gca gcc gtc ggt agc cag gtt gtc gac aac ttt aag ctc atc Gly Glu Ala Ala Val Gly Ser Gln Val Val Asp Asn Phe Lys Leu Ile 355 360 365	1104
tcc aat cta gca aat gtt gga gac tcc aag acc ctc gcg att cac ccc Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser Lys Thr Leu Ala Ile His Pro 370 375 380	1152

tgg agc acc act cac gag cag ttg acc gac cag gag cga atc gat tct 1200  
 Trp Ser Thr Thr His Glu Gln Leu Thr Asp Gln Glu Arg Ile Asp Ser  
 385 390 395 400

ggg gtt acg gaa gat gcc atc cgc atc tct gtc ggc act gag cac atc 1248  
 Gly Val Thr Glu Asp Ala Ile Arg Ile Ser Val Gly Thr Glu His Ile  
 405 410 415

gac gac atc atc gcc gac ttt gaa cag tca ttt gca gcg acc ttc aaa 1296  
 Asp Asp Ile Ile Ala Asp Phe Glu Gln Ser Phe Ala Ala Thr Phe Lys  
 420 425 430

gtt gtc cgg agt gct tag 1314  
 Val Val Arg Ser Ala  
 435

<210> 18

<211> 437

<212> PRT

<213> Emericella nidulans

<400> 18

Met Ser Asp Pro Ser Pro Lys Arg Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala  
 1 5 10 15

Gly Gln Glu Pro Asp Pro Ala Thr Asn Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
 20 25 30

Ala Thr Thr Ser Tyr Thr Phe Asn Asp Ser Ala His Gly Ala Arg Leu  
 35 40 45

Phe Gly Leu Lys Glu Phe Gly Asn Ile Tyr Ser Arg Ile Met Asn Pro  
 50 55 60

Thr Val Asp Val Phe Glu Lys Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val  
 65 70 75 80

Ala Ala Val Ala Ala Ser Ser Gly Gln Ala Ala Gln Phe Met Ala Ile  
 85 90 95

Ser Ala Leu Ala His Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Asn Leu  
 100 105 110

Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Val Leu Phe Pro Arg Leu Gly  
 115 120 125

Ile Thr Thr Lys Phe Val Gln Gly Asp Lys Ala Glu Asp Ile Ala Ala



130

135

140

Ala Ile Asp Asp Arg Thr Lys Ala Val Tyr Val Glu Thr Ile Gly Asn  
 145 150 155 160

Pro Arg Tyr Asn Val Pro Asp Phe Glu Val Ile Ala Lys Val Ala His  
 165 170 175

Glu Lys Gly Ile Pro Leu Val Val Asp Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly  
 180 185 190

Tyr Phe Val Arg Pro Ile Glu His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser  
 195 200 205

Ala Thr Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Gly Gly Val Val  
 210 215 220

Val Asp Ser Gly Lys Phe Asp Trp Gly Lys Asn Ala Ala Arg Phe Pro  
 225 230 235 240

Gln Phe Thr Gln Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Asn Phe Trp Glu  
 245 250 255

Thr Phe Gly Pro Ile Ala Phe Ala Ile Arg Val Arg Val Glu Ile Leu  
 260 265 270

Arg Asp Leu Gly Ser Ala Leu Asn Pro Phe Ala Ala Gln Gln Leu Ile  
 275 280 285

Leu Gly Leu Glu Thr Leu Ser Leu Arg Ala Glu Arg His Ala Ser Asn  
 290 295 300

Ala Leu Ala Leu Ala Asn Trp Leu Lys Lys Asn Asp His Val Ser Trp  
 305 310 315 320

Val Ser Tyr Val Gly Leu Glu Glu His Ser Ser His Glu Val Ala Lys  
 325 330 335

Lys Tyr Leu Lys Arg Gly Phe Gly Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Lys  
 340 345 350

Gly Glu Ala Ala Val Gly Ser Gln Val Val Asp Asn Phe Lys Leu Ile  
 355 360 365

Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser Lys Thr Leu Ala Ile His Pro  
 370 375 380

Trp Ser Thr Thr His Glu Gln Leu Thr Asp Gln Glu Arg Ile Asp Ser  
 385 390 395 400

Gly Val Thr Glu Asp Ala Ile Arg Ile Ser Val Gly Thr Glu His Ile  
 405 410 415

Asp Asp Ile Ile Ala Asp Phe Glu Gln Ser Phe Ala Ala Thr Phe Lys  
 420 425 430

Val Val Arg Ser Ala  
 435

<210> 19

<211> 1287

<212> DNA

<213> Bacteroides fragilis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1287)

<223>

<400> 19

atg gaa acg aaa aaa tta cat ttt gag act tta caa ctc cat gtt gga 48  
 Met Glu Thr Lys Lys Leu His Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Val Gly  
 1 5 10 15

cag gag act ccc gac ccg gca acc gat gcg cgt gcc gta cct att tat 96  
 Gln Glu Thr Pro Asp Pro Ala Thr Asp Ala Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
 20 25 30

cag aca act tcc tat gtg ttc cgg gat tcg gcc cat gcc gcc gca cga 144  
 Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Arg Asp Ser Ala His Ala Ala Ala Arg  
 35 40 45

ttt gga ttg caa gac cct ggg aat att tat gga cga ctg acc aat tcc 192  
 Phe Gly Leu Gln Asp Pro Gly Asn Ile Tyr Gly Arg Leu Thr Asn Ser  
 50 55 60

act cag gga gta ttg gag gaa cgc atc gca gca ctt gaa ggg gga gta 240  
 Thr Gln Gly Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val  
 65 70 75 80

ggg ggg ctt gcc gtg gct tcc gga gct gct gcc gtg acc tat gct atc 288  
 Gly Gly Leu Ala Val Ala Ser Gly Ala Ala Ala Val Thr Tyr Ala Ile  
 85 90 95

gag aat atc acc cgt tcc ggt gat cat att gtg gct gcc aag acc att 336

Glu	Asn	Ile	Thr	Arg	Ser	Gly	Asp	His	Ile	Val	Ala	Ala	Lys	Thr	Ile		
			100					105					110				
tat	ggg	ggc	aca	tat	aac	ttg	ctg	gcg	cat	act	ctg	cct	gct	tat	gga		384
Tyr	Gly	Gly	Thr	Tyr	Asn	Leu	Leu	Ala	His	Thr	Leu	Pro	Ala	Tyr	Gly		
		115					120					125					
gta	acg	acc	act	ttt	gta	gat	ccg	tcc	gat	ctt	ttt	aat	ttc	gaa	cgg		432
Val	Thr	Thr	Thr	Phe	Val	Asp	Pro	Ser	Asp	Leu	Phe	Asn	Phe	Glu	Arg		
		130				135					140						
gcg	att	cgt	gaa	aat	aca	aag	gcg	ata	ttc	att	gaa	act	ctg	gga	aac		480
Ala	Ile	Arg	Glu	Asn	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe	Ile	Glu	Thr	Leu	Gly	Asn		
145					150				155					160			
ccc	aat	tcc	aat	att	atc	gat	atg	gat	gcc	gta	gct	gcc	att	gcc	cat		528
Pro	Asn	Ser	Asn	Ile	Ile	Asp	Met	Asp	Ala	Val	Ala	Ala	Ile	Ala	His		
				165					170					175			
aaa	tat	cgg	att	ccg	ctg	att	gtg	gat	aat	act	ttc	ggt	acg	cct	tac		576
Lys	Tyr	Arg	Ile	Pro	Leu	Ile	Val	Asp	Asn	Thr	Phe	Gly	Thr	Pro	Tyr		
			180					185					190				
ctt	atc	cgt	ccc	att	gag	cac	ggg	gca	gac	att	gtg	gta	cat	tct	gcc		624
Leu	Ile	Arg	Pro	Ile	Glu	His	Gly	Ala	Asp	Ile	Val	Val	His	Ser	Ala		
		195					200					205					
aca	aaa	ttc	att	ggc	gga	cac	ggc	agt	tcg	ttg	gga	gga	gtt	att	gtc		672
Thr	Lys	Phe	Ile	Gly	Gly	His	Gly	Ser	Ser	Leu	Gly	Gly	Val	Ile	Val		
		210				215					220						
gat	tcc	ggt	aaa	ttt	gac	tgg	gtt	gct	tcc	ggt	aaa	ttc	ccg	caa	ctg		720
Asp	Ser	Gly	Lys	Phe	Asp	Trp	Val	Ala	Ser	Gly	Lys	Phe	Pro	Gln	Leu		
225					230					235				240			
acc	gag	ccg	gat	gca	agt	tat	cat	ggg	gta	cgg	ttt	gtc	gat	gct	gcc		768
Thr	Glu	Pro	Asp	Ala	Ser	Tyr	His	Gly	Val	Arg	Phe	Val	Asp	Ala	Ala		
				245					250					255			
ggg	gct	gct	gcc	tac	att	gtc	cgt	ata	cgt	gcc	gtg	ttg	ctg	cgc	gat		816
Gly	Ala	Ala	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	Ile	Arg	Ala	Val	Leu	Leu	Arg	Asp		
			260					265					270				
acg	ggt	gct	gcc	atc	agc	ccg	ttc	aat	gct	ttt	atc	ttg	ctg	caa	ggg		864
Thr	Gly	Ala	Ala	Ile	Ser	Pro	Phe	Asn	Ala	Phe	Ile	Leu	Leu	Gln	Gly		
		275						280				285					
ttg	gag	act	ttg	tct	ttg	cgt	gta	gaa	cgg	cat	gtg	gcc	aat	gct	ttg		912
Leu	Glu	Thr	Leu	Ser	Leu	Arg	Val	Glu	Arg	His	Val	Ala	Asn	Ala	Leu		
		290				295					300						
aag	gtt	att	gat	ttt	ctg	gtg	aac	cat	ccg	aag	gta	gcg	gct	gtt	aat		960
Lys	Val	Ile	Asp	Phe	Leu	Val	Asn	His	Pro	Lys	Val	Ala	Ala	Val	Asn		
305					310					315				320			
cat	cca	tca	ttg	ccc	ggt	cat	ccg	gat	cat	gcc	atc	tat	caa	cgt	tat		1008
His	Pro	Ser	Leu	Pro	Gly	His	Pro	Asp	His	Ala	Ile	Tyr	Gln	Arg	Tyr		
				325					330					335			
ttt	cct	ggc	ggg	gca	ggt	tct	atc	ttc	act	ttc	gag	gta	aag	gga	gga		1056
Phe	Pro	Gly	Gly	Ala	Gly	Ser	Ile	Phe	Thr	Phe	Glu	Val	Lys	Gly	Gly		
			340					345				350					

acg gag gaa gcg cag aag ttt atc gat agt ctg cag ata ttc tct ttg 1104  
 Thr Glu Glu Ala Gln Lys Phe Ile Asp Ser Leu Gln Ile Phe Ser Leu  
 355 360 365

ctg gcc aat gtg gcc gat gtg aag tcg ctg gtg att cat ccg ggc act 1152  
 Leu Ala Asn Val Ala Asp Val Lys Ser Leu Val Ile His Pro Gly Thr  
 370 375 380

acc aca cac tcg cag ttg aat gcg cag gag ctg gag gaa cag ggg att 1200  
 Thr Thr His Ser Gln Leu Asn Ala Gln Glu Leu Glu Glu Gln Gly Ile  
 385 390 395 400

aaa ccc gga acg gtc aga ctt tcg ata ggt acg gag cat att gag gac 1248  
 Lys Pro Gly Thr Val Arg Leu Ser Ile Gly Thr Glu His Ile Glu Asp  
 405 410 415

att att gat gac tta cgt cag gca tta gag aaa att taa 1287  
 Ile Ile Asp Asp Leu Arg Gln Ala Leu Glu Lys Ile  
 420 425

<210> 20

<211> 428

<212> PRT

<213> Bacteroides fragilis

<400> 20

Met Glu Thr Lys Lys Leu His Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Val Gly  
 1 5 10 15

Gln Glu Thr Pro Asp Pro Ala Thr Asp Ala Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
 20 25 30

Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Arg Asp Ser Ala His Ala Ala Ala Arg  
 35 40 45

Phe Gly Leu Gln Asp Pro Gly Asn Ile Tyr Gly Arg Leu Thr Asn Ser  
 50 55 60

Thr Gln Gly Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val  
 65 70 75 80

Gly Gly Leu Ala Val Ala Ser Gly Ala Ala Ala Val Thr Tyr Ala Ile  
 85 90 95

Glu Asn Ile Thr Arg Ser Gly Asp His Ile Val Ala Ala Lys Thr Ile  
 100 105 110

Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Leu Ala His Thr Leu Pro Ala Tyr Gly  
 115 120 125

Val Thr Thr Thr Phe Val Asp Pro Ser Asp Leu Phe Asn Phe Glu Arg  
130 135 140

Ala Ile Arg Glu Asn Thr Lys Ala Ile Phe Ile Glu Thr Leu Gly Asn  
145 150 155 160

Pro Asn Ser Asn Ile Ile Asp Met Asp Ala Val Ala Ala Ile Ala His  
165 170 175

Lys Tyr Arg Ile Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Phe Gly Thr Pro Tyr  
180 185 190

Leu Ile Arg Pro Ile Glu His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala  
195 200 205

Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Ser Ser Leu Gly Gly Val Ile Val  
210 215 220

Asp Ser Gly Lys Phe Asp Trp Val Ala Ser Gly Lys Phe Pro Gln Leu  
225 230 235 240

Thr Glu Pro Asp Ala Ser Tyr His Gly Val Arg Phe Val Asp Ala Ala  
245 250 255

Gly Ala Ala Ala Tyr Ile Val Arg Ile Arg Ala Val Leu Leu Arg Asp  
260 265 270

Thr Gly Ala Ala Ile Ser Pro Phe Asn Ala Phe Ile Leu Leu Gln Gly  
275 280 285

Leu Glu Thr Leu Ser Leu Arg Val Glu Arg His Val Ala Asn Ala Leu  
290 295 300

Lys Val Ile Asp Phe Leu Val Asn His Pro Lys Val Ala Ala Val Asn  
305 310 315 320

His Pro Ser Leu Pro Gly His Pro Asp His Ala Ile Tyr Gln Arg Tyr  
325 330 335

Phe Pro Gly Gly Ala Gly Ser Ile Phe Thr Phe Glu Val Lys Gly Gly  
340 345 350

Thr Glu Glu Ala Gln Lys Phe Ile Asp Ser Leu Gln Ile Phe Ser Leu  
355 360 365

Leu Ala Asn Val Ala Asp Val Lys Ser Leu Val Ile His Pro Gly Thr

370

375

380

Thr Thr His Ser Gln Leu Asn Ala Gln Glu Leu Glu Glu Gln Gly Ile  
 385 390 395 400

Lys Pro Gly Thr Val Arg Leu Ser Ile Gly Thr Glu His Ile Glu Asp  
 405 410 415

Ile Ile Asp Asp Leu Arg Gln Ala Leu Glu Lys Ile  
 420 425

&lt;210&gt; 21

&lt;211&gt; 1278

&lt;212&gt; DNA

<213> *Pseudomonas aeruginosa*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (1278)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 21

atg aaa ctg gaa acc ctg gcc gtc cac gcc ggc tac agc cct gac ccg 48  
 Met Lys Leu Glu Thr Leu Ala Val His Ala Gly Tyr Ser Pro Asp Pro  
 1 5 10 15

acc acc cgc gcg gtg gcg gtg ccg atc tac cag acc acc tcc tac gcc 96  
 Thr Thr Arg Ala Val Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Tyr Ala  
 20 25 30

ttc gac gac acc cag cat ggc gcc gac ctg ttc gac ctg aag gta ccg 144  
 Phe Asp Asp Thr Gln His Gly Ala Asp Leu Phe Asp Leu Lys Val Pro  
 35 40 45

ggc aac atc tac aca cgg atc atg aac ccc acc aac gac gta ctg gaa 192  
 Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro Thr Asn Asp Val Leu Glu  
 50 55 60

cag cgc gtc gcg gcg ctg gaa ggc ggg gtc ggg gcg ctg gcg gtg gcc 240  
 Gln Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ala Val Ala  
 65 70 75 80

tcg ggg atg gcg gcc atc acc tac gcg atc cag acc gtc gcc gag gcc 288  
 Ser Gly Met Ala Ala Ile Thr Tyr Ala Ile Gln Thr Val Ala Glu Ala  
 85 90 95

ggc gac aac atc gtc tcg gtg gcc aag ctc tac ggc ggc acc tac aac 336  
 Gly Asp Asn Ile Val Ser Val Ala Lys Leu Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

ctg	ctg	gcc	cac	acc	ctg	cca	cgc	atc	ggc	atc	cag	gcg	cgc	ttc	gcc	384
Leu	Leu	Ala	His	Thr	Leu	Pro	Arg	Ile	Gly	Ile	Gln	Ala	Arg	Phe	Ala	
		115					120					125				
gcc	cac	gac	gac	gtc	gcc	gcc	ctg	gaa	gcg	ctg	atc	gac	gag	cgg	acc	432
Ala	His	Asp	Asp	Val	Ala	Ala	Leu	Glu	Ala	Leu	Ile	Asp	Glu	Arg	Thr	
		130				135					140					
aag	gcc	gtg	ttc	tgc	gaa	acc	atc	ggc	aac	ccg	gcg	ggc	aac	atc	atc	480
Lys	Ala	Val	Phe	Cys	Glu	Thr	Ile	Gly	Asn	Pro	Ala	Gly	Asn	Ile	Ile	
145					150					155					160	
gac	ctg	cag	gca	ctg	gcc	gac	gcc	gct	cac	cgc	cac	ggc	gtg	cca	ctg	528
Asp	Leu	Gln	Ala	Leu	Ala	Asp	Ala	Ala	His	Arg	His	Gly	Val	Pro	Leu	
				165					170					175		
atc	gtc	gac	aac	acg	gta	gcc	acc	ccg	gtg	ctc	tgc	cgg	ccg	ttc	gag	576
Ile	Val	Asp	Asn	Thr	Val	Ala	Thr	Pro	Val	Leu	Cys	Arg	Pro	Phe	Glu	
			180						185				190			
cac	ggc	gcc	gac	atc	gtc	gtg	cac	tcg	ctg	acc	aag	tac	atg	ggc	ggc	624
His	Gly	Ala	Asp	Ile	Val	Val	His	Ser	Leu	Thr	Lys	Tyr	Met	Gly	Gly	
		195					200					205				
cac	ggc	acc	agc	atc	ggc	ggg	atc	gtg	gtc	gac	tcc	ggc	aaa	ttc	gac	672
His	Gly	Thr	Ser	Ile	Gly	Gly	Ile	Val	Val	Asp	Ser	Gly	Lys	Phe	Asp	
		210				215					220					
tgg	gcg	gcg	aac	aag	tcg	cgc	ttc	ccg	ctg	ctg	aac	acg	ccc	gat	ccg	720
Trp	Ala	Ala	Asn	Lys	Ser	Arg	Phe	Pro	Leu	Leu	Asn	Thr	Pro	Asp	Pro	
225					230					235					240	
tcc	tac	cac	ggc	gtc	acc	tac	acc	gag	gcc	ttc	gga	ccc	gcc	gcc	ttc	768
Ser	Tyr	His	Gly	Val	Thr	Tyr	Thr	Glu	Ala	Phe	Gly	Pro	Ala	Ala	Phe	
				245					250					255		
atc	ggc	cgc	tgc	cgg	gtg	gta	ccg	ctg	cgc	aac	atg	ggc	gcg	gcg	ctc	816
Ile	Gly	Arg	Cys	Arg	Val	Val	Pro	Leu	Arg	Asn	Met	Gly	Ala	Ala	Leu	
			260					265					270			
tcg	ccg	ttc	aac	gcc	ttc	ctc	atc	ctc	caa	ggc	ctg	gag	acc	ctg	gcg	864
Ser	Pro	Phe	Asn	Ala	Phe	Leu	Ile	Leu	Gln	Gly	Leu	Glu	Thr	Leu	Ala	
		275					280					285				
ctg	cgc	atg	gag	cgc	cac	tgc	gac	aac	gcc	ctc	gcc	gtg	gcc	cgc	tac	912
Leu	Arg	Met	Glu	Arg	His	Cys	Asp	Asn	Ala	Leu	Ala	Val	Ala	Arg	Tyr	
		290				295					300					
ctg	cag	cag	cat	ccg	cag	gtg	gcc	tgg	gtg	aaa	tac	gcc	ggc	ctc	gcc	960
Leu	Gln	Gln	His	Pro	Gln	Val	Ala	Trp	Val	Lys	Tyr	Ala	Gly	Leu	Ala	
305					310					315					320	
gac	aac	ccc	gag	cac	gcc	ctg	gcc	cgg	cgc	tac	ctg	ggg	ggc	cgc	ccg	1008
Asp	Asn	Pro	Glu	His	Ala	Leu	Ala	Arg	Arg	Tyr	Leu	Gly	Gly	Arg	Pro	
				325					330					335		
gcg	gcg	atc	ctg	tct	ttc	ggc	atc	cag	ggc	ggc	agc	gcc	gcc	ggc	gcg	1056
Ala	Ala	Ile	Leu	Ser	Phe	Gly	Ile	Gln	Gly	Gly	Ser	Ala	Ala	Gly	Ala	
			340					345					350			
cgc	ttc	atc	gac	gcc	ttg	aag	ctg	gtg	gtg	cgg	ctg	gtc	aac	atc	ggc	1104
Arg	Phe	Ile	Asp	Ala	Leu	Lys	Leu	Val	Val	Arg	Leu	Val	Asn	Ile	Gly	

355

360

365

gac gcc aag tcc ctg gcc tgc cac ccg gcg agc acc acc cac cgc cag 1152  
 Asp Ala Lys Ser Leu Ala Cys His Pro Ala Ser Thr Thr His Arg Gln  
 370 375 380

ttg aac gcg gag gaa ctg gcc cgc gcc gga gtc tcc gac gac atg gtg 1200  
 Leu Asn Ala Glu Glu Leu Ala Arg Ala Gly Val Ser Asp Asp Met Val  
 385 390 395 400

cgg ctg tcg atc ggc atc gag cac atc gac gac atc ctc gcc gac ctc 1248  
 Arg Leu Ser Ile Gly Ile Glu His Ile Asp Asp Ile Leu Ala Asp Leu  
 405 410 415

gac cag gcc ctg gcc gcc gcc gca cgc tga 1278  
 Asp Gln Ala Leu Ala Ala Ala Ala Arg  
 420 425

&lt;210&gt; 22

&lt;211&gt; 425

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Pseudomonas aeruginosa

&lt;400&gt; 22

Met Lys Leu Glu Thr Leu Ala Val His Ala Gly Tyr Ser Pro Asp Pro  
 1 5 10 15

Thr Thr Arg Ala Val Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Tyr Ala  
 20 25 30

Phe Asp Asp Thr Gln His Gly Ala Asp Leu Phe Asp Leu Lys Val Pro  
 35 40 45

Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro Thr Asn Asp Val Leu Glu  
 50 55 60

Gln Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ala Val Ala  
 65 70 75 80

Ser Gly Met Ala Ala Ile Thr Tyr Ala Ile Gln Thr Val Ala Glu Ala  
 85 90 95

Gly Asp Asn Ile Val Ser Val Ala Lys Leu Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

Leu Leu Ala His Thr Leu Pro Arg Ile Gly Ile Gln Ala Arg Phe Ala  
 115 120 125



Ala His Asp Asp Val Ala Ala Leu Glu Ala Leu Ile Asp Glu Arg Thr  
 130 135 140

Lys Ala Val Phe Cys Glu Thr Ile Gly Asn Pro Ala Gly Asn Ile Ile  
 145 150 155 160

Asp Leu Gln Ala Leu Ala Asp Ala Ala His Arg His Gly Val Pro Leu  
 165 170 175

Ile Val Asp Asn Thr Val Ala Thr Pro Val Leu Cys Arg Pro Phe Glu  
 180 185 190

His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Leu Thr Lys Tyr Met Gly Gly  
 195 200 205

His Gly Thr Ser Ile Gly Gly Ile Val Val Asp Ser Gly Lys Phe Asp  
 210 215 220

Trp Ala Ala Asn Lys Ser Arg Phe Pro Leu Leu Asn Thr Pro Asp Pro  
 225 230 235 240

Ser Tyr His Gly Val Thr Tyr Thr Glu Ala Phe Gly Pro Ala Ala Phe  
 245 250 255

Ile Gly Arg Cys Arg Val Val Pro Leu Arg Asn Met Gly Ala Ala Leu  
 260 265 270

Ser Pro Phe Asn Ala Phe Leu Ile Leu Gln Gly Leu Glu Thr Leu Ala  
 275 280 285

Leu Arg Met Glu Arg His Cys Asp Asn Ala Leu Ala Val Ala Arg Tyr  
 290 295 300

Leu Gln Gln His Pro Gln Val Ala Trp Val Lys Tyr Ala Gly Leu Ala  
 305 310 315 320

Asp Asn Pro Glu His Ala Leu Ala Arg Arg Tyr Leu Gly Gly Arg Pro  
 325 330 335

Ala Ala Ile Leu Ser Phe Gly Ile Gln Gly Gly Ser Ala Ala Gly Ala  
 340 345 350

Arg Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu Val Val Arg Leu Val Asn Ile Gly  
 355 360 365

Asp Ala Lys Ser Leu Ala Cys His Pro Ala Ser Thr Thr His Arg Gln  
 370 375 380

Leu Asn Ala Glu Glu Leu Ala Arg Ala Gly Val Ser Asp Asp Met Val  
 385 390 395 400

Arg Leu Ser Ile Gly Ile Glu His Ile Asp Asp Ile Leu Ala Asp Leu  
 405 410 415

Asp Gln Ala Leu Ala Ala Ala Ala Arg  
 420 425

<210> 23

<211> 1296

<212> DNA

<213> Bordetella bronchiseptica

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1296)

<223>

<400> 23

atg agc gaa ccg aac caa ccc atc tgg cgg ctg gag acc atc gcc gta	48
Met Ser Glu Pro Asn Gln Pro Ile Trp Arg Leu Glu Thr Ile Ala Val	
1 5 10 15	

cat ggg ggc tac cgg ccc gac ccg acc acg cgc gcg gtg gcg gtg ccg	96
His Gly Gly Tyr Arg Pro Asp Pro Thr Thr Arg Ala Val Ala Val Pro	
20 25 30	

atc tac cag acc gtg gcc tat gcg ttc gac gac acc cag cat ggc gcg	144
Ile Tyr Gln Thr Val Ala Tyr Ala Phe Asp Asp Thr Gln His Gly Ala	
35 40 45	

gac ctg ttc gac ctg aag gtg ccg ggc aat atc tac acc cgc atc atg	192
Asp Leu Phe Asp Leu Lys Val Pro Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met	
50 55 60	

aac ccc acc acc gac gtg ctg gag cag cgc gtg gcg gcg ctg gaa tgc	240
Asn Pro Thr Thr Asp Val Leu Glu Gln Arg Val Ala Ala Leu Glu Cys	
65 70 75 80	

ggc gtg gcc gcg ctg gcg ctg gcc tcc ggc cag gcg gcg gtg acc tat	288
Gly Val Ala Ala Leu Ala Leu Ala Ser Gly Gln Ala Ala Val Thr Tyr	
85 90 95	

gcg atc ctg acc atc gcc gag gcg ggc gac aac atc gtg tcg tcc agc	336
Ala Ile Leu Thr Ile Ala Glu Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Ser Ser	
100 105 110	

acg ctg tat ggc ggc acg tac aac ctg ttc gcc cac acg ctg ccg cag	384
---	-----

Thr	Leu	Tyr	Gly	Gly	Thr	Tyr	Asn	Leu	Phe	Ala	His	Thr	Leu	Pro	Gln	
	115						120					125				
tac	ggc	atc	acg	acc	cgc	ttc	gcc	gat	ccg	cgc	aac	ctg	gct	tcg	ttc	432
Tyr	Gly	Ile	Thr	Thr	Arg	Phe	Ala	Asp	Pro	Arg	Asn	Leu	Ala	Ser	Phe	
	130					135					140					
gag	gcg	ctg	atc	gac	gag	cgc	acc	aag	gcc	att	ttc	gcc	gag	tcg	gtg	480
Glu	Ala	Leu	Ile	Asp	Glu	Arg	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe	Ala	Glu	Ser	Val	
	145					150				155					160	
ggc	aat	ccg	ctg	ggc	aac	gtc	acc	gac	atc	gcc	gcg	ctg	gcc	gag	atc	528
Gly	Asn	Pro	Leu	Gly	Asn	Val	Thr	Asp	Ile	Ala	Ala	Leu	Ala	Glu	Ile	
				165					170					175		
gcg	cac	cgc	cat	ggc	gtg	ccg	ctg	atc	gtc	gac	aac	acg	gtg	ccg	tcg	576
Ala	His	Arg	His	Gly	Val	Pro	Leu	Ile	Val	Asp	Asn	Thr	Val	Pro	Ser	
			180					185					190			
ccc	tac	ctg	ctg	cgc	ccc	atc	gag	cac	ggc	gcc	gac	atc	gtg	gtg	cag	624
Pro	Tyr	Leu	Leu	Arg	Pro	Ile	Glu	His	Gly	Ala	Asp	Ile	Val	Val	Gln	
		195					200					205				
tcg	ctc	acc	aag	tac	ctg	ggc	ggg	cac	ggc	acc	agc	ctg	ggc	ggg	gcc	672
Ser	Leu	Thr	Lys	Tyr	Leu	Gly	Gly	His	Gly	Thr	Ser	Leu	Gly	Gly	Ala	
	210					215					220					
atc	atc	gat	tcg	ggc	aag	ttt	ccc	tgg	gcc	gag	cac	aag	gcg	cgc	ttc	720
Ile	Ile	Asp	Ser	Gly	Lys	Phe	Pro	Trp	Ala	Glu	His	Lys	Ala	Arg	Phe	
	225				230					235					240	
aag	cgc	ctg	aac	gag	ccc	gac	gtg	agc	tac	cac	ggc	gtg	gtc	tac	acc	768
Lys	Arg	Leu	Asn	Glu	Pro	Asp	Val	Ser	Tyr	His	Gly	Val	Val	Tyr	Thr	
				245					250					255		
gag	gcg	ttc	ggc	gcg	gcg	gcc	tat	atc	ggc	cgc	gcc	cgc	gtg	gtg	ccg	816
Glu	Ala	Phe	Gly	Ala	Ala	Ala	Tyr	Ile	Gly	Arg	Ala	Arg	Val	Val	Pro	
			260				265						270			
ctg	cgc	aat	acc	ggc	gcg	gcc	att	tcg	ccg	ttc	aac	gcc	ttc	cag	atc	864
Leu	Arg	Asn	Thr	Gly	Ala	Ala	Ile	Ser	Pro	Phe	Asn	Ala	Phe	Gln	Ile	
		275					280					285				
ctg	cag	ggc	atc	gag	acg	ctg	gcg	ctg	cgc	gtg	gac	cgc	atc	gtc	gag	912
Leu	Gln	Gly	Ile	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Arg	Val	Asp	Arg	Ile	Val	Glu	
	290					295					300					
aac	tcg	gtc	aag	gtg	gcc	ggg	ttc	ctg	cgc	gac	cat	ccc	aag	gtc	gaa	960
Asn	Ser	Val	Lys	Val	Ala	Gly	Phe	Leu	Arg	Asp	His	Pro	Lys	Val	Glu	
	305				310					315					320	
tgg	gtc	aac	tat	gcc	ggc	ctg	ccc	gac	cat	gcc	gac	cat	gcg	ctg	gtg	1008
Trp	Val	Asn	Tyr	Ala	Gly	Leu	Pro	Asp	His	Ala	Asp	His	Ala	Leu	Val	
				325					330					335		
cgc	aag	tac	atg	ggc	ggc	aag	gcc	ccc	ggc	ctg	ttc	act	ttc	ggc	gtg	1056
Arg	Lys	Tyr	Met	Gly	Gly	Lys	Ala	Pro	Gly	Leu	Phe	Thr	Phe	Gly	Val	
			340				345						350			
aag	ggc	ggc	cgc	gag	gcc	ggc	gcg	cgc	ttc	cag	gac	gcc	ttg	cag	ctg	1104
Lys	Gly	Gly	Arg	Glu	Ala	Gly	Ala	Arg	Phe	Gln	Asp	Ala	Leu	Gln	Leu	
		355					360					365				

ttc acc cgc ctg gtg aac atc ggc gac gcc aag tcg ctg gcc acg cac 1152  
 Phe Thr Arg Leu Val Asn Ile Gly Asp Ala Lys Ser Leu Ala Thr His  
 370 375 380

ccg gct tcc acc acg cac cgc cag ctc aac ccc gaa gag ctc gaa aag 1200  
 Pro Ala Ser Thr Thr His Arg Gln Leu Asn Pro Glu Glu Leu Glu Lys  
 385 390 395 400

gcc ggc gtg cgc gag gaa acg gtg cgc ctg tcg atc ggg atc gag cat 1248  
 Ala Gly Val Arg Glu Glu Thr Val Arg Leu Ser Ile Gly Ile Glu His  
 405 410 415

atc gac gac ctg atc gcc gac ctg gaa cag gcg ctg gcg caa gtc tga 1296  
 Ile Asp Asp Leu Ile Ala Asp Leu Glu Gln Ala Leu Ala Gln Val  
 420 425 430

<210> 24

<211> 431

<212> PRT

<213> Bordetella bronchiseptica

<400> 24

Met Ser Glu Pro Asn Gln Pro Ile Trp Arg Leu Glu Thr Ile Ala Val  
 1 5 10 15

His Gly Gly Tyr Arg Pro Asp Pro Thr Thr Arg Ala Val Ala Val Pro  
 20 25 30

Ile Tyr Gln Thr Val Ala Tyr Ala Phe Asp Asp Thr Gln His Gly Ala  
 35 40 45

Asp Leu Phe Asp Leu Lys Val Pro Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met  
 50 55 60

Asn Pro Thr Thr Asp Val Leu Glu Gln Arg Val Ala Ala Leu Glu Cys  
 65 70 75 80

Gly Val Ala Ala Leu Ala Leu Ala Ser Gly Gln Ala Ala Val Thr Tyr  
 85 90 95

Ala Ile Leu Thr Ile Ala Glu Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Ser Ser  
 100 105 110

Thr Leu Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Ala His Thr Leu Pro Gln  
 115 120 125

Tyr Gly Ile Thr Thr Arg Phe Ala Asp Pro Arg Asn Leu Ala Ser Phe  
 130 135 140

Glu Ala Leu Ile Asp Glu Arg Thr Lys Ala Ile Phe Ala Glu Ser Val  
145 150 155 160

Gly Asn Pro Leu Gly Asn Val Thr Asp Ile Ala Ala Leu Ala Glu Ile  
165 170 175

Ala His Arg His Gly Val Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Pro Tyr Leu Leu Arg Pro Ile Glu His Gly Ala Asp Ile Val Val Gln  
195 200 205

Ser Leu Thr Lys Tyr Leu Gly Gly His Gly Thr Ser Leu Gly Gly Ala  
210 215 220

Ile Ile Asp Ser Gly Lys Phe Pro Trp Ala Glu His Lys Ala Arg Phe  
225 230 235 240

Lys Arg Leu Asn Glu Pro Asp Val Ser Tyr His Gly Val Val Tyr Thr  
245 250 255

Glu Ala Phe Gly Ala Ala Ala Tyr Ile Gly Arg Ala Arg Val Val Pro  
260 265 270

Leu Arg Asn Thr Gly Ala Ala Ile Ser Pro Phe Asn Ala Phe Gln Ile  
275 280 285

Leu Gln Gly Ile Glu Thr Leu Ala Leu Arg Val Asp Arg Ile Val Glu  
290 295 300

Asn Ser Val Lys Val Ala Gly Phe Leu Arg Asp His Pro Lys Val Glu  
305 310 315 320

Trp Val Asn Tyr Ala Gly Leu Pro Asp His Ala Asp His Ala Leu Val  
325 330 335

Arg Lys Tyr Met Gly Gly Lys Ala Pro Gly Leu Phe Thr Phe Gly Val  
340 345 350

Lys Gly Gly Arg Glu Ala Gly Ala Arg Phe Gln Asp Ala Leu Gln Leu  
355 360 365

Phe Thr Arg Leu Val Asn Ile Gly Asp Ala Lys Ser Leu Ala Thr His  
370 375 380

Pro Ala Ser Thr Thr His Arg Gln Leu Asn Pro Glu Glu Leu Glu Lys

385 390 395 400

Ala Gly Val Arg Glu Glu Thr Val Arg Leu Ser Ile Gly Ile Glu His  
405 410 415

Ile Asp Asp Leu Ile Ala Asp Leu Glu Gln Ala Leu Ala Gln Val  
420 425 430

<210> 25

<211> 1269

<212> DNA

<213> Nitrosomonas europaea

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1269)

<223>

<400> 25

atg aaa cgg gaa aca ctc gcc att cat ggc ggt ttt gcc ggc gat ccg 48  
Met Lys Arg Glu Thr Leu Ala Ile His Gly Gly Phe Ala Gly Asp Pro  
1 5 10 15

cag act cat gca gtc gcg gtc ccc att tac cag acc acc agc tac tat 96  
Gln Thr His Ala Val Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Tyr Tyr  
20 25 30

ttt gat gat act cag cac ggg gct gat ttg ttt gat ctg aag gtg cag 144  
Phe Asp Asp Thr Gln His Gly Ala Asp Leu Phe Asp Leu Lys Val Gln  
35 40 45

ggt aac atc tac aca cgc atc atg aac ccg act act gct gtc ctg gaa 192  
Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro Thr Thr Ala Val Leu Glu  
50 55 60

gaa aga gtg gcg tta ctg gaa gga gga gtg gga gcg ctg gcc atg gct 240  
Glu Arg Val Ala Leu Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ala Met Ala  
65 70 75 80

tcc ggc atg gcc gcc att aca gcc tgt gtg cag act ctg gcc agg gcg 288  
Ser Gly Met Ala Ala Ile Thr Ala Cys Val Gln Thr Leu Ala Arg Ala  
85 90 95

ggc gac aac att atc tcc acc agc cag gtt tac ggt ggc acc tat aat 336  
Gly Asp Asn Ile Ile Ser Thr Ser Gln Val Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn  
100 105 110

ttc ttt tgc cat acg ttg ccc aat ctg ggt att gaa gtt cgc atg gtg 384  
Phe Phe Cys His Thr Leu Pro Asn Leu Gly Ile Glu Val Arg Met Val  
115 120 125

gat ggt cgt aat ccg gcc gct ttt gcc gat gcc atc gat gac aat acc Asp Gly Arg Asn Pro Ala Ala Phe Ala Asp Ala Ile Asp Asp Asn Thr 130 135 140	432
aga atg att tat tgc gag tgc atc gga aat ccg gcc ggt aat gtg gtg Arg Met Ile Tyr Cys Glu Ser Ile Gly Asn Pro Ala Gly Asn Val Val 145 150 155 160	480
gat atc gcc gca ctg gct gaa gtg gcg cat gca gcg ggc gtg ccg ctg Asp Ile Ala Ala Leu Ala Glu Val Ala His Ala Ala Gly Val Pro Leu 165 170 175	528
gta gtg gac aat acc gta cca acc ccg gtg ctt tgt cgt cct ttc gaa Val Val Asp Asn Thr Val Pro Thr Pro Val Leu Cys Arg Pro Phe Glu 180 185 190	576
cat ggt gcc gat atc gtc gtc cat gcg ctg acc aaa tac atg ggt ggt His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ala Leu Thr Lys Tyr Met Gly Gly 195 200 205	624
cac ggc acc agc atc ggc gga atc atc gtg gat tcc ggc aag ttc ccc His Gly Thr Ser Ile Gly Gly Ile Ile Val Asp Ser Gly Lys Phe Pro 210 215 220	672
tgg gaa ggc aac tgc cgt ttt cca caa ttc aac caa cct gat ccc agc Trp Glu Gly Asn Ser Arg Phe Pro Gln Phe Asn Gln Pro Asp Pro Ser 225 230 235 240	720
tat cac ggt gtg gtt tat gtg gat gca ttt ggt ccg gct gcg ttt atc Tyr His Gly Val Val Tyr Val Asp Ala Phe Gly Pro Ala Ala Phe Ile 245 250 255	768
ggc cgt gcg cgt gtg gta ccg ttg cgc aac atg gga gcg gca att tca Gly Arg Ala Arg Val Val Pro Leu Arg Asn Met Gly Ala Ala Ile Ser 260 265 270	816
cct ttc aat tct ttt ctg att ctg caa ggt atc gaa acc ctg ccg ttg Pro Phe Asn Ser Phe Leu Ile Leu Gln Gly Ile Glu Thr Leu Pro Leu 275 280 285	864
agg atg gaa cgg cat tgc acc aat gcg ctg gcg att gca cgt tat ctg Arg Met Glu Arg His Cys Thr Asn Ala Leu Ala Ile Ala Arg Tyr Leu 290 295 300	912
caa agg cat ccc aaa gtc agc tgg gtc aat ttt gcc ggc ctt gaa gat Gln Arg His Pro Lys Val Ser Trp Val Asn Phe Ala Gly Leu Glu Asp 305 310 315 320	960
aac cgt gat tac gca ctg gtg cag aaa tac atg gat ggc ggt att ccc Asn Arg Asp Tyr Ala Leu Val Gln Lys Tyr Met Asp Gly Gly Ile Pro 325 330 335	1008
tca tgc att ctg agt ttt ggc atc aag ggc ggg cgc gag gct tgt gct Ser Ser Ile Leu Ser Phe Gly Ile Lys Gly Gly Arg Glu Ala Cys Ala 340 345 350	1056
cgc ttt atg gac aga ctg atg ctg atc aaa cgg ctg gtc aac atc ggg Arg Phe Met Asp Arg Leu Met Leu Ile Lys Arg Leu Val Asn Ile Gly 355 360 365	1104
gat gcc aaa acg ctg gcc tgc cac ccg gcg acg acc acc cac cgt cag Asp Ala Lys Thr Leu Ala Cys His Pro Ala Thr Thr Thr His Arg Gln	1152

370

375

380

ctc aat gat gaa gaa ctg gca aaa gcc ggt gtc agt gct gat ctg gtg 1200  
 Leu Asn Asp Glu Glu Leu Ala Lys Ala Gly Val Ser Ala Asp Leu Val  
 385 390 395 400

cgt tta tgt gtc ggc atc gag cat att gac gat ctg att gcc gat gta 1248  
 Arg Leu Cys Val Gly Ile Glu His Ile Asp Asp Leu Ile Ala Asp Val  
 405 410 415

gag cag gct ttc cag gat tag 1269  
 Glu Gln Ala Phe Gln Asp  
 420

&lt;210&gt; 26

&lt;211&gt; 422

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Nitrosomonas europaea

&lt;400&gt; 26

Met Lys Arg Glu Thr Leu Ala Ile His Gly Gly Phe Ala Gly Asp Pro  
 1 5 10 15

Gln Thr His Ala Val Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Tyr Tyr  
 20 25 30

Phe Asp Asp Thr Gln His Gly Ala Asp Leu Phe Asp Leu Lys Val Gln  
 35 40 45

Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro Thr Thr Ala Val Leu Glu  
 50 55 60

Glu Arg Val Ala Leu Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ala Met Ala  
 65 70 75 80

Ser Gly Met Ala Ala Ile Thr Ala Cys Val Gln Thr Leu Ala Arg Ala  
 85 90 95

Gly Asp Asn Ile Ile Ser Thr Ser Gln Val Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

Phe Phe Cys His Thr Leu Pro Asn Leu Gly Ile Glu Val Arg Met Val  
 115 120 125

Asp Gly Arg Asn Pro Ala Ala Phe Ala Asp Ala Ile Asp Asp Asn Thr  
 130 135 140



Arg Met Ile Tyr Cys Glu Ser Ile Gly Asn Pro Ala Gly Asn Val Val  
 145 150 155 160

Asp Ile Ala Ala Leu Ala Glu Val Ala His Ala Ala Gly Val Pro Leu  
 165 170 175

Val Val Asp Asn Thr Val Pro Thr Pro Val Leu Cys Arg Pro Phe Glu  
 180 185 190

His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ala Leu Thr Lys Tyr Met Gly Gly  
 195 200 205

His Gly Thr Ser Ile Gly Gly Ile Ile Val Asp Ser Gly Lys Phe Pro  
 210 215 220

Trp Glu Gly Asn Ser Arg Phe Pro Gln Phe Asn Gln Pro Asp Pro Ser  
 225 230 235 240

Tyr His Gly Val Val Tyr Val Asp Ala Phe Gly Pro Ala Ala Phe Ile  
 245 250 255

Gly Arg Ala Arg Val Val Pro Leu Arg Asn Met Gly Ala Ala Ile Ser  
 260 265 270

Pro Phe Asn Ser Phe Leu Ile Leu Gln Gly Ile Glu Thr Leu Pro Leu  
 275 280 285

Arg Met Glu Arg His Cys Thr Asn Ala Leu Ala Ile Ala Arg Tyr Leu  
 290 295 300

Gln Arg His Pro Lys Val Ser Trp Val Asn Phe Ala Gly Leu Glu Asp  
 305 310 315 320

Asn Arg Asp Tyr Ala Leu Val Gln Lys Tyr Met Asp Gly Gly Ile Pro  
 325 330 335

Ser Ser Ile Leu Ser Phe Gly Ile Lys Gly Gly Arg Glu Ala Cys Ala  
 340 345 350

Arg Phe Met Asp Arg Leu Met Leu Ile Lys Arg Leu Val Asn Ile Gly  
 355 360 365

Asp Ala Lys Thr Leu Ala Cys His Pro Ala Thr Thr Thr His Arg Gln  
 370 375 380

Leu Asn Asp Glu Glu Leu Ala Lys Ala Gly Val Ser Ala Asp Leu Val  
 385 390 395 400

Arg Leu Cys Val Gly Ile Glu His Ile Asp Asp Leu Ile Ala Asp Val  
 405 410 415

Glu Gln Ala Phe Gln Asp  
 420

<210> 27

<211> 1281

<212> DNA

<213> *Sinorhizobium meliloti*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1281)

<223>

<400> 27

atg aaa gcc gga ccc gga ttc agc acg ctt gca att cac gcc ggg gcc 48  
 Met Lys Ala Gly Pro Gly Phe Ser Thr Leu Ala Ile His Ala Gly Ala  
 1 5 10 15

cag ccc gat ccg acg acc ggt gcg cgg gcg acg ccg atc tat cag acg 96  
 Gln Pro Asp Pro Thr Thr Gly Ala Arg Ala Thr Pro Ile Tyr Gln Thr  
 20 25 30

acc agc ttc gtc ttc aac gac acg gat cat gcg gcc gca ctc ttc ggc 144  
 Thr Ser Phe Val Phe Asn Asp Thr Asp His Ala Ala Leu Phe Gly  
 35 40 45

ctc cag caa ttc ggc aat atc tat acc cgc atc atg aat ccg acg cag 192  
 Leu Gln Gln Phe Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro Thr Gln  
 50 55 60

gcg gtg ctg gag gag cgg atc gcg gcg ctc gaa ggc ggg acc gcc ggg 240  
 Ala Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Thr Ala Gly  
 65 70 75 80

ctg gcc gtt tcc tcg ggg cat gcg gcc cag ctg ctg gtt ttc cat acg 288  
 Leu Ala Val Ser Ser Gly His Ala Ala Gln Leu Leu Val Phe His Thr  
 85 90 95

atc atg agg ccg ggt gac aat ttc gtt tcc gcc aga cag ctt tac ggc 336  
 Ile Met Arg Pro Gly Asp Asn Phe Val Ser Ala Arg Gln Leu Tyr Gly  
 100 105 110

ggg tcg gcc aat cag ttc ggc cat gcc ttc aag gcc ttc gac tgg cag 384  
 Gly Ser Ala Asn Gln Phe Gly His Ala Phe Lys Ala Phe Asp Trp Gln  
 115 120 125

gtc	cgc	tgg	gcc	gat	tcg	gcg	gag	ccc	gaa	agc	ttc	gat	gcg	cag	atc	432
Val	Arg	Trp	Ala	Asp	Ser	Ala	Glu	Pro	Glu	Ser	Phe	Asp	Ala	Gln	Ile	
130						135					140					
gac	gaa	cgc	acc	aag	gcg	atc	ttc	atc	gaa	agc	ctc	gcc	aat	ccg	ggc	480
Asp	Glu	Arg	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe	Ile	Glu	Ser	Leu	Ala	Asn	Pro	Gly	
145					150					155					160	
ggc	acc	ttc	gtc	gac	ata	gcc	gca	atc	gct	gac	gtt	gcg	cgg	cga	cac	528
Gly	Thr	Phe	Val	Asp	Ile	Ala	Ala	Ile	Ala	Asp	Val	Ala	Arg	Arg	His	
				165					170					175		
gga	ctg	ccg	ctc	atc	gtc	gac	aat	acg	atg	gcg	acg	ccc	tat	ctg	atg	576
Gly	Leu	Pro	Leu	Ile	Val	Asp	Asn	Thr	Met	Ala	Thr	Pro	Tyr	Leu	Met	
			180					185					190			
cgg	ccg	ctc	gaa	cac	ggc	gcc	gat	atc	gtc	gtc	cat	tcg	ctc	acc	aag	624
Arg	Pro	Leu	Glu	His	Gly	Ala	Asp	Ile	Val	Val	His	Ser	Leu	Thr	Lys	
			195				200					205				
ttc	atc	ggc	ggc	cac	ggc	aat	tcg	atg	ggc	ggc	atc	atc	gtc	gac	ggc	672
Phe	Ile	Gly	Gly	His	Gly	Asn	Ser	Met	Gly	Gly	Ile	Ile	Val	Asp	Gly	
	210					215					220					
ggt	acg	ttc	gac	tgg	tcg	aaa	tcc	ggc	aag	tat	ccg	ctg	ctg	tcg	gag	720
Gly	Thr	Phe	Asp	Trp	Ser	Lys	Ser	Gly	Lys	Tyr	Pro	Leu	Leu	Ser	Glu	
225					230					235					240	
ccg	agg	ccc	gaa	tat	ggc	ggc	gtc	gtc	ctg	cac	cag	gcc	ttc	ggc	aac	768
Pro	Arg	Pro	Glu	Tyr	Gly	Gly	Val	Val	Leu	His	Gln	Ala	Phe	Gly	Asn	
				245					250				255			
ttc	gcc	ttc	gcc	atc	gcc	gca	cgg	gta	ttg	ggc	ctg	agg	gac	ttc	ggc	816
Phe	Ala	Phe	Ala	Ile	Ala	Ala	Arg	Val	Leu	Gly	Leu	Arg	Asp	Phe	Gly	
			260					265					270			
ccg	gcc	att	tcg	ccc	ttc	aac	gcc	ttc	ctg	atc	cag	acc	ggc	gtc	gag	864
Pro	Ala	Ile	Ser	Pro	Phe	Asn	Ala	Phe	Leu	Ile	Gln	Thr	Gly	Val	Glu	
		275					280					285				
acg	ctg	ccg	ctg	agg	atg	cag	cgc	cat	tgc	gac	aac	gcg	ctg	gag	gtc	912
Thr	Leu	Pro	Leu	Arg	Met	Gln	Arg	His	Cys	Asp	Asn	Ala	Leu	Glu	Val	
	290					295					300					
gcc	aaa	tgg	ctg	aag	gga	cat	gaa	aag	gtc	tcc	tgg	gtc	cgc	tat	tcc	960
Ala	Lys	Trp	Leu	Lys	Gly	His	Glu	Lys	Val	Ser	Trp	Val	Arg	Tyr	Ser	
305					310					315					320	
ggg	ctc	gaa	gac	gat	ccg	aac	cac	gca	ctg	cag	aaa	cgc	tac	tcg	ccg	1008
Gly	Leu	Glu	Asp	Asp	Pro	Asn	His	Ala	Leu	Gln	Lys	Arg	Tyr	Ser	Pro	
				325					330					335		
aag	ggg	gcg	gga	gcc	gtt	ttc	acc	ttc	ggg	ctc	gcg	ggc	gga	tac	gag	1056
Lys	Gly	Ala	Gly	Ala	Val	Phe	Thr	Phe	Gly	Leu	Ala	Gly	Gly	Tyr	Glu	
			340					345					350			
gcg	gga	aag	cgc	ttt	gtc	gag	gca	ctg	gaa	atg	ttc	tcc	cat	ctt	gcc	1104
Ala	Gly	Lys	Arg	Phe	Val	Glu	Ala	Leu	Glu	Met	Phe	Ser	His	Leu	Ala	
		355					360					365				
aat	atc	ggc	gac	acg	cgt	tcg	ctc	gtc	atc	cac	ccc	gca	tcg	acc	acg	1152
Asn	Ile	Gly	Asp	Thr	Arg	Ser	Leu	Val	Ile	His	Pro	Ala	Ser	Thr	Thr	
	370					375					380					

cac cgg cag ctc acg ccg gag cag cag gtc gcc gca ggc gcc gga ccc 1200  
 His Arg Gln Leu Thr Pro Glu Gln Gln Val Ala Ala Gly Ala Gly Pro  
 385 390 395 400

gac gtc atc cgg ttg tgc gtc ggc atc gag gat gtg gcc gac atc att 1248  
 Asp Val Ile Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Ala Asp Ile Ile  
 405 410 415

gcc gat ctc gaa cag gcg ctg ggc aag gcc tga 1281  
 Ala Asp Leu Glu Gln Ala Leu Gly Lys Ala  
 420 425

<210> 28

<211> 426

<212> PRT

<213> Sinorhizobium meliloti

<400> 28

Met Lys Ala Gly Pro Gly Phe Ser Thr Leu Ala Ile His Ala Gly Ala  
 1 5 10 15

Gln Pro Asp Pro Thr Thr Gly Ala Arg Ala Thr Pro Ile Tyr Gln Thr  
 20 25 30

Thr Ser Phe Val Phe Asn Asp Thr Asp His Ala Ala Ala Leu Phe Gly  
 35 40 45

Leu Gln Gln Phe Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Met Asn Pro Thr Gln  
 50 55 60

Ala Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Thr Ala Gly  
 65 70 75 80

Leu Ala Val Ser Ser Gly His Ala Ala Gln Leu Leu Val Phe His Thr  
 85 90 95

Ile Met Arg Pro Gly Asp Asn Phe Val Ser Ala Arg Gln Leu Tyr Gly  
 100 105 110

Gly Ser Ala Asn Gln Phe Gly His Ala Phe Lys Ala Phe Asp Trp Gln  
 115 120 125

Val Arg Trp Ala Asp Ser Ala Glu Pro Glu Ser Phe Asp Ala Gln Ile  
 130 135 140

Asp Glu Arg Thr Lys Ala Ile Phe Ile Glu Ser Leu Ala Asn Pro Gly

145	150	155	160
Gly Thr Phe Val Asp 165	Ile Ala Ala Ile 170	Ala Asp Val Ala Arg 175	Arg His
Gly Leu Pro Leu Ile Val Asp 180	Asn Thr Met Ala Thr 185	Pro Tyr Leu Met 190	
Arg Pro Leu Glu His Gly Ala Asp 195	Ile Val Val His 200	Ser Leu Thr Lys 205	
Phe Ile Gly Gly His Gly Asn Ser Met 210	Gly Gly Ile Ile Val Asp 215	Gly	
Gly Thr Phe Asp Trp Ser Lys Ser Gly Lys Tyr Pro Leu Leu Ser Glu 225	230	235	240
Pro Arg Pro Glu Tyr Gly Gly Val Val Leu His Gln Ala Phe Gly Asn 245	250	255	
Phe Ala Phe Ala Ile Ala Ala Arg Val Leu Gly Leu Arg Asp Phe Gly 260	265	270	
Pro Ala Ile Ser Pro Phe Asn Ala Phe Leu Ile Gln Thr Gly Val Glu 275	280	285	
Thr Leu Pro Leu Arg Met Gln Arg His Cys Asp Asn Ala Leu Glu Val 290	295	300	
Ala Lys Trp Leu Lys Gly His Glu Lys Val Ser Trp Val Arg Tyr Ser 305	310	315	320
Gly Leu Glu Asp Asp Pro Asn His Ala Leu Gln Lys Arg Tyr Ser Pro 325	330	335	
Lys Gly Ala Gly Ala Val Phe Thr Phe Gly Leu Ala Gly Gly Tyr Glu 340	345	350	
Ala Gly Lys Arg Phe Val Glu Ala Leu Glu Met Phe Ser His Leu Ala 355	360	365	
Asn Ile Gly Asp Thr Arg Ser Leu Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr 370	375	380	
His Arg Gln Leu Thr Pro Glu Gln Gln Val Ala Ala Gly Ala Gly Pro 385	390	395	400

Asp Val Ile Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Ala Asp Ile Ile  
 405 410 415

Ala Asp Leu Glu Gln Ala Leu Gly Lys Ala  
 420 425

<210> 29

<211> 1293

<212> DNA

<213> Thermotoga maritima

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1293)

<223>

<400> 29

atg gac tgg aag aaa tac ggt tac aac aca agg gct ctt cac gca ggt	48
Met Asp Trp Lys Lys Tyr Gly Tyr Asn Thr Arg Ala Leu His Ala Gly	
1 5 10 15	
tat gaa cca ccc gag cag gcc aca gga tcg aga gcg gtc cct ata tat	96
Tyr Glu Pro Pro Glu Gln Ala Thr Gly Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr	
20 25 30	
caa acg act tct tac gtt ttc aga gac tct gat cac gcg gcg aga ctc	144
Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Arg Asp Ser Asp His Ala Ala Arg Leu	
35 40 45	
ttc gca ctg gaa gaa cct ggg ttc atc tat aca agg att gga aat cct	192
Phe Ala Leu Glu Glu Pro Gly Phe Ile Tyr Thr Arg Ile Gly Asn Pro	
50 55 60	
acc gtc tca gtt ctt gaa gaa aga ata gcc gcc ctg gaa gaa ggg gtg	240
Thr Val Ser Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Glu Gly Val	
65 70 75 80	
gga gcc tta gcg gtt gcc agt gga caa gcc gct ata act tac gcc att	288
Gly Ala Leu Ala Val Ala Ser Gly Gln Ala Ala Ile Thr Tyr Ala Ile	
85 90 95	
ttg aac atc gcg ggc cca gga gat gag atc gtc agc ggg agc gcg ctg	336
Leu Asn Ile Ala Gly Pro Gly Asp Glu Ile Val Ser Gly Ser Ala Leu	
100 105 110	
tat ggg gga acg tac aat ctg ttc aga cac act ctc tat aaa aaa tcc	384
Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Arg His Thr Leu Tyr Lys Lys Ser	
115 120 125	
ggc atc atc gtg aag ttt gtg gat gag aca gat cca aag aac ata gaa	432
Gly Ile Ile Val Lys Phe Val Asp Glu Thr Asp Pro Lys Asn Ile Glu	

130	135	140	
gag gcc atc acc gag Glu Ala Ile Thr Glu 145	aaa aca aag gcg gtg Lys Thr Lys Ala Val 150	tac ctt gaa act atc ggg Tyr Leu Glu Thr Ile Gly 155 160	480
aat ccc ggt ctc aca Asn Pro Gly Leu Thr 165	gtg ccg gac ttt gaa gcg Val Pro Asp Phe Glu Ala 170	ata gcg gag atc gct Ile Ala Glu Ile Ala 175	528
cac aga cac ggt gtt His Arg His Gly Val 180	cct ttg ata gtg gac Pro Leu Ile Val Asp 185	aat acg gta gct ccg tac Asn Thr Val Ala Pro Tyr 190	576
ata ttc agg ccc ttc Ile Phe Arg Pro Phe 195	gaa cac ggt gcc gac Glu His Gly Ala Asp 200	atc gtt gtt tat tcg gcc Ile Val Val Tyr Ser Ala 205	624
acg aaa ttc atc gga Thr Lys Phe Ile Gly 210	gga cac gga aca tcg Gly His Gly Thr Ser 215	ata ggc ggt ctc atc gta Ile Gly Gly Leu Ile Val 220	672
gac agc gga aaa ttc Asp Ser Gly Lys Phe 225	gac tgg acg aac gga Asp Trp Thr Asn Gly 230 235	aag ttt cca gaa ctc gtg Lys Phe Pro Glu Leu Val 240	720
gaa cca gat ccc agc Glu Pro Asp Pro Ser 245	tac cac ggt gtg agt Tyr His Gly Val Ser 250	tat gtg gag acg ttc aaa Tyr Val Glu Thr Phe Lys 255	768
gaa gca gcc tac ata Glu Ala Ala Tyr Ile 260	gca aaa tgt aga acc Ala Lys Cys Arg Thr 265	cag ctt ttg agg gac ctg Gln Leu Leu Arg Asp Leu 270	816
gga agc tgt atg agc Gly Ser Cys Met Ser 275	ccg ttc aac gcg ttt Pro Phe Asn Ala Phe 280	ctg ttc atc ctc gga ctt Leu Phe Ile Leu Gly Leu 285	864
gaa acc ctc agc ttg Glu Thr Leu Ser Leu 290	agg atg aag aaa cac Arg Met Lys Lys His 295	tgt gaa aac gca ctg aag Cys Glu Asn Ala Leu Lys 300	912
atc gtt gaa ttt ctg Ile Val Glu Phe Leu 305	aaa tcg cat ccc gcc Lys Ser His Pro Ala 310 315	gtg agc tgg gtc aac tat Val Ser Trp Val Asn Tyr 320	960
ccg ata gct gaa ggc Pro Ile Ala Glu Gly 325	aat aaa acc aga gaa Asn Lys Thr Arg Glu 330	aat gcg ctg aaa tac ctc Asn Ala Leu Lys Tyr Leu 335	1008
aaa gaa gga tac ggt Lys Glu Gly Tyr Gly 340	gcg att gta acg ttc Ala Ile Val Thr Phe 345	ggt gtg aaa ggc gga aaa Gly Val Lys Gly Gly Lys 350	1056
gag gcg gga aag aag Glu Ala Gly Lys Lys 355	ttc ata gac agt ctc Phe Ile Asp Ser Leu 360	aca ctc att tcc cac ctc Thr Leu Ile Ser His Leu 365	1104
gcc aac att ggt gat Ala Asn Ile Gly Asp 370	gca aga act ctg gct Ala Arg Thr Leu Ala 375	att cat ccc gct tcg aca Ile His Pro Ala Ser Thr 380	1152
acc cat cag cag ctc acc gaa gaa gag cag 1200	gtg aaa acg ggt gtt act		

Thr His Gln Gln Leu Thr Glu Glu Glu Gln Leu Lys Thr Gly Val Thr  
 385 390 395 400

ccg gat atg ata aga ttg tct gtt gga ata gaa gat gtg gaa gat atc 1248  
 Pro Asp Met Ile Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Glu Asp Ile  
 405 410 415

ata gcc gat ctg gat cag gct ctc aga aaa tct cag gag gga tga 1293  
 Ile Ala Asp Leu Asp Gln Ala Leu Arg Lys Ser Gln Glu Gly  
 420 425 430

<210> 30

<211> 430

<212> PRT

<213> Thermotoga maritima

<400> 30

Met Asp Trp Lys Lys Tyr Gly Tyr Asn Thr Arg Ala Leu His Ala Gly  
 1 5 10 15

Tyr Glu Pro Pro Glu Gln Ala Thr Gly Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr  
 20 25 30

Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe Arg Asp Ser Asp His Ala Ala Arg Leu  
 35 40 45

Phe Ala Leu Glu Glu Pro Gly Phe Ile Tyr Thr Arg Ile Gly Asn Pro  
 50 55 60

Thr Val Ser Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Glu Gly Val  
 65 70 75 80

Gly Ala Leu Ala Val Ala Ser Gly Gln Ala Ala Ile Thr Tyr Ala Ile  
 85 90 95

Leu Asn Ile Ala Gly Pro Gly Asp Glu Ile Val Ser Gly Ser Ala Leu  
 100 105 110

Tyr Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Arg His Thr Leu Tyr Lys Lys Ser  
 115 120 125

Gly Ile Ile Val Lys Phe Val Asp Glu Thr Asp Pro Lys Asn Ile Glu  
 130 135 140

Glu Ala Ile Thr Glu Lys Thr Lys Ala Val Tyr Leu Glu Thr Ile Gly  
 145 150 155 160



Asn Pro Gly Leu Thr Val Pro Asp Phe Glu Ala Ile Ala Glu Ile Ala  
 165 170 175

His Arg His Gly Val Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Val Ala Pro Tyr  
 180 185 190

Ile Phe Arg Pro Phe Glu His Gly Ala Asp Ile Val Val Tyr Ser Ala  
 195 200 205

Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr Ser Ile Gly Gly Leu Ile Val  
 210 215 220

Asp Ser Gly Lys Phe Asp Trp Thr Asn Gly Lys Phe Pro Glu Leu Val  
 225 230 235 240

Glu Pro Asp Pro Ser Tyr His Gly Val Ser Tyr Val Glu Thr Phe Lys  
 245 250 255

Glu Ala Ala Tyr Ile Ala Lys Cys Arg Thr Gln Leu Leu Arg Asp Leu  
 260 265 270

Gly Ser Cys Met Ser Pro Phe Asn Ala Phe Leu Phe Ile Leu Gly Leu  
 275 280 285

Glu Thr Leu Ser Leu Arg Met Lys Lys His Cys Glu Asn Ala Leu Lys  
 290 295 300

Ile Val Glu Phe Leu Lys Ser His Pro Ala Val Ser Trp Val Asn Tyr  
 305 310 315 320

Pro Ile Ala Glu Gly Asn Lys Thr Arg Glu Asn Ala Leu Lys Tyr Leu  
 325 330 335

Lys Glu Gly Tyr Gly Ala Ile Val Thr Phe Gly Val Lys Gly Gly Lys  
 340 345 350

Glu Ala Gly Lys Lys Phe Ile Asp Ser Leu Thr Leu Ile Ser His Leu  
 355 360 365

Ala Asn Ile Gly Asp Ala Arg Thr Leu Ala Ile His Pro Ala Ser Thr  
 370 375 380

Thr His Gln Gln Leu Thr Glu Glu Glu Gln Leu Lys Thr Gly Val Thr  
 385 390 395 400

Pro Asp Met Ile Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Glu Asp Ile

405

410

415

Ile Ala Asp Leu Asp Gln Ala Leu Arg Lys Ser Gln Glu Gly  
 420 425 430

&lt;210&gt; 31

&lt;211&gt; 1314

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Streptococcus mutans

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (1314)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 31

atg gag cta att aat aat aaa agg aga gct tcc atg act cga gaa ttt 48  
 Met Glu Leu Ile Asn Asn Lys Arg Arg Ala Ser Met Thr Arg Glu Phe  
 1 5 10 15

tct ttt gaa act tta caa tta cat gcg gga caa agt gtt gat cct aca 96  
 Ser Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Ser Val Asp Pro Thr  
 20 25 30

aca aaa tcg cgt gca gta cca atc tat cag acg act tcc tat gtg ttt 144  
 Thr Lys Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe  
 35 40 45

aat gat gca caa gat gct gaa gat tct ttt gca ctt cgt aca ccc ggc 192  
 Asn Asp Ala Gln Asp Ala Glu Asp Ser Phe Ala Leu Arg Thr Pro Gly  
 50 55 60

aat att tat acg cgg atc act aat ccg act aca gcc gtt ttt gaa gaa 240  
 Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Thr Asn Pro Thr Thr Ala Val Phe Glu Glu  
 65 70 75 80

cgg atg gcc gct ctt gaa ggt ggt gtc ggt gca ctg gca aca gct tct 288  
 Arg Met Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ala Thr Ala Ser  
 85 90 95

ggt atg gca gca gta act tat att gcc ttg gct ctt gct cat gca ggt 336  
 Gly Met Ala Ala Val Thr Tyr Ile Ala Leu Ala Leu Ala His Ala Gly  
 100 105 110

gat cat att gtg tca gca gcg aca gtt tac ggt ggc act ttt aat ctt 384  
 Asp His Ile Val Ser Ala Ala Thr Val Tyr Gly Gly Thr Phe Asn Leu  
 115 120 125

ctt aag gaa act tta cct cgc tat ggc att act aca agt ttt gtt gat 432  
 Leu Lys Glu Thr Leu Pro Arg Tyr Gly Ile Thr Thr Ser Phe Val Asp  
 130 135 140

ggt	gct	aat	ttc	gct	gaa	att	gaa	gcg	gct	att	aca	gac	aag	act	aag	480
Val	Ala	Asn	Phe	Ala	Glu	Ile	Glu	Ala	Ala	Ile	Thr	Asp	Lys	Thr	Lys	
145					150					155					160	
ttt	att	atc	gct	gaa	acg	tta	gga	aat	cct	ctt	gga	aat	atc	gct	gat	528
Phe	Ile	Ile	Ala	Glu	Thr	Leu	Gly	Asn	Pro	Leu	Gly	Asn	Ile	Ala	Asp	
				165					170					175		
ctt	gaa	aaa	tta	gct	gag	att	gcc	cat	cga	cat	gct	att	ccc	ttg	ggt	576
Leu	Glu	Lys	Leu	Ala	Glu	Ile	Ala	His	Arg	His	Ala	Ile	Pro	Leu	Val	
			180					185					190			
att	gat	aat	acc	ttt	ggt	act	cct	tat	ttg	ctt	aat	gtc	ttc	tct	tac	624
Ile	Asp	Asn	Thr	Phe	Gly	Thr	Pro	Tyr	Leu	Leu	Asn	Val	Phe	Ser	Tyr	
		195					200					205				
ggt	ggt	gat	att	gct	ggt	cat	tct	gcc	act	aaa	ttt	atc	ggt	gga	cat	672
Gly	Val	Asp	Ile	Ala	Val	His	Ser	Ala	Thr	Lys	Phe	Ile	Gly	Gly	His	
210						215					220					
ggg	aca	tct	att	ggc	ggt	gtc	att	ggt	gat	tct	gga	aac	ttt	gat	tgg	720
Gly	Thr	Ser	Ile	Gly	Gly	Val	Ile	Val	Asp	Ser	Gly	Asn	Phe	Asp	Trp	
225					230					235					240	
gaa	aaa	tct	gga	aaa	ttc	cca	caa	ttt	gta	gaa	cca	gat	cct	tcc	tat	768
Glu	Lys	Ser	Gly	Lys	Phe	Pro	Gln	Phe	Val	Glu	Pro	Asp	Pro	Ser	Tyr	
				245					250					255		
cat	gac	att	agt	tat	aca	cgt	gat	att	gga	aaa	gca	gct	ttt	gta	act	816
His	Asp	Ile	Ser	Tyr	Thr	Arg	Asp	Ile	Gly	Lys	Ala	Ala	Phe	Val	Thr	
			260					265					270			
gcg	gtg	cgt	acg	caa	ctg	ctg	cgt	gat	aca	ggc	gcc	tgc	ctt	tca	cct	864
Ala	Val	Arg	Thr	Gln	Leu	Leu	Arg	Asp	Thr	Gly	Ala	Cys	Leu	Ser	Pro	
		275					280					285				
ttc	aat	gcc	ttt	ctt	ttg	cta	caa	ggt	cta	gaa	acc	tta	tca	ctt	cgt	912
Phe	Asn	Ala	Phe	Leu	Leu	Leu	Gln	Gly	Leu	Glu	Thr	Leu	Ser	Leu	Arg	
	290					295					300					
ggt	gag	cgt	cat	gtg	gaa	aat	gct	aag	aaa	att	gcg	tac	tat	ctg	gaa	960
Val	Glu	Arg	His	Val	Glu	Asn	Ala	Lys	Lys	Ile	Ala	Tyr	Tyr	Leu	Glu	
305					310				315						320	
aat	cat	cct	aaa	gtc	aca	aaa	ggt	aat	tat	gct	agt	ttg	cca	tca	agt	1008
Asn	His	Pro	Lys	Val	Thr	Lys	Val	Asn	Tyr	Ala	Ser	Leu	Pro	Ser	Ser	
				325					330					335		
cct	tat	tat	gac	ttg	gct	caa	aaa	tac	ttg	cca	aaa	gga	gct	agt	tct	1056
Pro	Tyr	Tyr	Asp	Leu	Ala	Gln	Lys	Tyr	Leu	Pro	Lys	Gly	Ala	Ser	Ser	
			340					345					350			
atc	ttt	act	ttt	aat	ggt	gca	ggc	agt	gcg	aaa	gcc	gct	cgc	gag	gtc	1104
Ile	Phe	Thr	Phe	Asn	Val	Ala	Gly	Ser	Ala	Lys	Ala	Ala	Arg	Glu	Val	
		355					360					365				
att	gac	agt	ctt	gaa	atc	ttt	tct	gat	ttg	gcg	aat	ggt	gct	gat	gcc	1152
Ile	Asp	Ser	Leu	Glu	Ile	Phe	Ser	Asp	Leu	Ala	Asn	Val	Ala	Asp	Ala	
	370					375					380					
aaa	tca	cta	ggt	ggt	cat	ccg	gca	aca	acc	act	cat	ggt	caa	atg	act	1200
Lys	Ser	Leu	Val	Val	His	Pro	Ala	Thr	Thr	Thr	His	Gly	Gln	Met	Thr	

385	390	395	400	
gaa gaa gat cta cga gct tgc ggt att gaa cct gag caa atc cgt gtt				1248
Glu Glu Asp Leu Arg Ala Cys Gly Ile Glu Pro Glu Gln Ile Arg Val				
	405	410	415	
tct att ggt ttg gaa aat gct gat gac tta atc gaa gat ttg cgc cta				1296
Ser Ile Gly Leu Glu Asn Ala Asp Asp Leu Ile Glu Asp Leu Arg Leu				
	420	425	430	
gca ctt gaa aaa ata taa				1314
Ala Leu Glu Lys Ile				
	435			

&lt;210&gt; 32

&lt;211&gt; 437

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Streptococcus mutans

&lt;400&gt; 32

Met Glu Leu Ile Asn Asn Lys Arg Arg Ala Ser Met Thr Arg Glu Phe
1 5 10 15

Ser Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Ser Val Asp Pro Thr
20 25 30

Thr Lys Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Tyr Val Phe
35 40 45

Asn Asp Ala Gln Asp Ala Glu Asp Ser Phe Ala Leu Arg Thr Pro Gly
50 55 60

Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Thr Asn Pro Thr Thr Ala Val Phe Glu Glu
65 70 75 80

Arg Met Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ala Thr Ala Ser
85 90 95

Gly Met Ala Ala Val Thr Tyr Ile Ala Leu Ala Leu Ala His Ala Gly
100 105 110

Asp His Ile Val Ser Ala Ala Thr Val Tyr Gly Gly Thr Phe Asn Leu
115 120 125

Leu Lys Glu Thr Leu Pro Arg Tyr Gly Ile Thr Thr Ser Phe Val Asp
130 135 140

Val Ala Asn Phe Ala Glu Ile Glu Ala Ala Ile Thr Asp Lys Thr Lys  
 145 150 155 160

Phe Ile Ile Ala Glu Thr Leu Gly Asn Pro Leu Gly Asn Ile Ala Asp  
 165 170 175

Leu Glu Lys Leu Ala Glu Ile Ala His Arg His Ala Ile Pro Leu Val  
 180 185 190

Ile Asp Asn Thr Phe Gly Thr Pro Tyr Leu Leu Asn Val Phe Ser Tyr  
 195 200 205

Gly Val Asp Ile Ala Val His Ser Ala Thr Lys Phe Ile Gly Gly His  
 210 215 220

Gly Thr Ser Ile Gly Gly Val Ile Val Asp Ser Gly Asn Phe Asp Trp  
 225 230 235 240

Glu Lys Ser Gly Lys Phe Pro Gln Phe Val Glu Pro Asp Pro Ser Tyr  
 245 250 255

His Asp Ile Ser Tyr Thr Arg Asp Ile Gly Lys Ala Ala Phe Val Thr  
 260 265 270

Ala Val Arg Thr Gln Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ala Cys Leu Ser Pro  
 275 280 285

Phe Asn Ala Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu Thr Leu Ser Leu Arg  
 290 295 300

Val Glu Arg His Val Glu Asn Ala Lys Lys Ile Ala Tyr Tyr Leu Glu  
 305 310 315 320

Asn His Pro Lys Val Thr Lys Val Asn Tyr Ala Ser Leu Pro Ser Ser  
 325 330 335

Pro Tyr Tyr Asp Leu Ala Gln Lys Tyr Leu Pro Lys Gly Ala Ser Ser  
 340 345 350

Ile Phe Thr Phe Asn Val Ala Gly Ser Ala Lys Ala Ala Arg Glu Val  
 355 360 365

Ile Asp Ser Leu Glu Ile Phe Ser Asp Leu Ala Asn Val Ala Asp Ala  
 370 375 380

Lys Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Gly Gln Met Thr  
 385 390 395 400

Glu Glu Asp Leu Arg Ala Cys Gly Ile Glu Pro Glu Gln Ile Arg Val  
 405 410 415

Ser Ile Gly Leu Glu Asn Ala Asp Asp Leu Ile Glu Asp Leu Arg Leu  
 420 425 430

Ala Leu Glu Lys Ile  
 435

<210> 33

<211> 1431

<212> DNA

<213> Burkholderia cepacia

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1431)

<223>

<400> 33

ttg aag cgc cgc acg ccg gtg ata gga tgg ccg cca ctt tca cct ttc	48
Leu Lys Arg Arg Thr Pro Val Ile Gly Trp Pro Pro Leu Ser Pro Phe	
1 5 10 15	

gcg agg ccg tcc gtg gcc ccg ccg ccc agc atg tcc gcg aac cgt ttc	96
Ala Arg Pro Ser Val Ala Pro Pro Pro Ser Met Ser Ala Asn Arg Phe	
20 25 30	

gac acg ctt gcg ctg cac gcc ggc gct gct ccc gac ccg acc acc ggc	144
Asp Thr Leu Ala Leu His Ala Gly Ala Ala Pro Asp Pro Thr Thr Gly	
35 40 45	

gcg cgc gcc acg ccg att tac cag act acc tcg ttt tcg ttc cgc gat	192
Ala Arg Ala Thr Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Phe Ser Phe Arg Asp	
50 55 60	

tcc gac cac gcc gcg ggc ctc ttc aat atg gag cgc gcc ggt cat gtt	240
Ser Asp His Ala Ala Ala Leu Phe Asn Met Glu Arg Ala Gly His Val	
65 70 75 80	

tat tcg cgc att tcg aac ccg acc gtg gcc gtg ttc gag gaa cgc gtg	288
Tyr Ser Arg Ile Ser Asn Pro Thr Val Ala Val Phe Glu Glu Arg Val	
85 90 95	

gcc gcg ctg gaa aac ggc gcg ggc gcg atc ggc acg gca agc ggc cag	336
Ala Ala Leu Glu Asn Gly Ala Gly Ala Ile Gly Thr Ala Ser Gly Gln	
100 105 110	

gcg gcc ctg cat ctg gcc att gcc acg ctg atg ggc gcg ggt tcg cat	384
---	-----

Ala	Ala	Leu	His	Leu	Ala	Ile	Ala	Thr	Leu	Met	Gly	Ala	Gly	Ser	His	
	115						120					125				
atc	gtc	gcc	tcc	agc	gcg	ctg	tac	ggc	ggc	tcg	cac	aat	ctg	ctg	cac	432
Ile	Val	Ala	Ser	Ser	Ala	Leu	Tyr	Gly	Gly	Ser	His	Asn	Leu	Leu	His	
	130					135					140					
tac	acg	ttg	cgg	cgc	ttc	ggc	atc	gag	acg	act	ttc	gtc	aaa	ccc	ggc	480
Tyr	Thr	Leu	Arg	Arg	Phe	Gly	Ile	Glu	Thr	Thr	Phe	Val	Lys	Pro	Gly	
145					150					155					160	
gac	ctg	gac	gcg	tgg	cgc	gcc	gcg	ctg	cgc	cca	aac	acg	cgg	ctg	ctg	528
Asp	Leu	Asp	Ala	Trp	Arg	Ala	Ala	Leu	Arg	Pro	Asn	Thr	Arg	Leu	Leu	
				165					170					175		
ttc	ggc	gag	acg	ctc	ggc	aat	ccg	ggg	ctc	gac	gtg	ctc	gat	atc	gcc	576
Phe	Gly	Glu	Thr	Leu	Gly	Asn	Pro	Gly	Leu	Asp	Val	Leu	Asp	Ile	Ala	
			180					185					190			
gcc	gtc	gcg	cag	atc	gcg	cat	gag	cac	cgc	gtg	ccg	ctg	ctg	gtc	gac	624
Ala	Val	Ala	Gln	Ile	Ala	His	Glu	His	Arg	Val	Pro	Leu	Leu	Val	Asp	
	195						200					205				
tcg	acc	ttc	acc	aca	cct	tac	ctg	ctc	aaa	ccg	ttc	gaa	cat	ggc	gcg	672
Ser	Thr	Phe	Thr	Thr	Pro	Tyr	Leu	Leu	Lys	Pro	Phe	Glu	His	Gly	Ala	
	210					215					220					
gac	ttc	gtc	tat	cac	tcg	gcc	acc	aaa	ttc	ctc	ggc	ggc	cac	ggc	acg	720
Asp	Phe	Val	Tyr	His	Ser	Ala	Thr	Lys	Phe	Leu	Gly	Gly	His	Gly	Thr	
225					230					235					240	
acg	atc	ggc	ggc	gtg	ctg	gtg	gac	ggc	ggc	acg	ttc	gac	ttc	gac	gcc	768
Thr	Ile	Gly	Gly	Val	Leu	Val	Asp	Gly	Gly	Thr	Phe	Asp	Phe	Asp	Ala	
				245					250					255		
tcg	ggg	cgc	ttc	ccc	gaa	ttc	acc	gaa	cct	tac	gac	ggc	ttt	cac	ggc	816
Ser	Gly	Arg	Phe	Pro	Glu	Phe	Thr	Glu	Pro	Tyr	Asp	Gly	Phe	His	Gly	
			260					265					270			
atg	gtg	ttc	gcc	gag	gag	agc	acc	gtc	gcg	ccg	ttt	ctg	ctg	cga	gca	864
Met	Val	Phe	Ala	Glu	Glu	Ser	Thr	Val	Ala	Pro	Phe	Leu	Leu	Arg	Ala	
	275						280					285				
cgc	cgc	gag	ggg	ctg	cgc	gac	ttc	ggc	gca	tgc	ctg	cat	ccg	caa	gcc	912
Arg	Arg	Glu	Gly	Leu	Arg	Asp	Phe	Gly	Ala	Cys	Leu	His	Pro	Gln	Ala	
	290					295					300					
gca	tgg	caa	ctg	ctg	caa	ggc	atc	gag	acg	ctg	ccg	ttg	cga	atg	gaa	960
Ala	Trp	Gln	Leu	Leu	Gln	Gly	Ile	Glu	Thr	Leu	Pro	Leu	Arg	Met	Glu	
305					310					315					320	
cgg	cac	gtt	gcc	aac	acg	cgc	cgg	gtg	gtc	gag	ttc	ctc	gcc	ggt	cac	1008
Arg	His	Val	Ala	Asn	Thr	Arg	Arg	Val	Val	Glu	Phe	Leu	Ala	Gly	His	
				325					330				335			
gcc	gcg	gtc	ggg	gcc	gtc	gcc	tat	ccg	gaa	ctg	ccc	acg	cac	ccc	gac	1056
Ala	Ala	Val	Gly	Ala	Val	Ala	Tyr	Pro	Glu	Leu	Pro	Thr	His	Pro	Asp	
			340					345					350			
cac	gcg	ctc	gcg	aag	cgg	ctg	ctg	ccg	cgc	ggc	gcc	ggt	gcc	gtg	ttc	1104
His	Ala	Leu	Ala	Lys	Arg	Leu	Leu	Pro	Arg	Gly	Ala	Gly	Ala	Val	Phe	
	355						360					365				

agc ttc gat ctg cgc ggc gac cgc gcc gcc gga cgc agc ttt atc gaa 1152  
 Ser Phe Asp Leu Arg Gly Asp Arg Ala Ala Gly Arg Ser Phe Ile Glu  
 370 375 380

gcg ctc tcg ctg ttc tcg cat ctc gcg aac gtg ggc gac gcg cgc tcg 1200  
 Ala Leu Ser Leu Phe Ser His Leu Ala Asn Val Gly Asp Ala Arg Ser  
 385 390 395 400

ctc gtg atc cat ccc gcc tcg acc acc cac ttt cgc atg gac gcc gct 1248  
 Leu Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Phe Arg Met Asp Ala Ala  
 405 410 415

gcc ctt gcc gcg gcc ggt atc gcc gaa ggc acg atc cgc ctc tcg atc 1296  
 Ala Leu Ala Ala Gly Ile Ala Glu Gly Thr Ile Arg Leu Ser Ile  
 420 425 430

ggc ctc gaa gat ccc gac gat ctg atc gac gat ctc aag cgc gcg cta 1344  
 Gly Leu Glu Asp Pro Asp Asp Leu Ile Asp Asp Leu Lys Arg Ala Leu  
 435 440 445

aag gcc gca cag aaa gcg ggc agt tcg agc gca gcg cac ggc ggc gca 1392  
 Lys Ala Ala Gln Lys Ala Gly Ser Ser Ser Ala Ala His Gly Gly Ala  
 450 455 460

tcc ggc agt gcc gcc caa ccc cgc ccg gag tcc gca tga 1431  
 Ser Gly Ser Ala Ala Gln Pro Arg Pro Glu Ser Ala  
 465 470 475

<210> 34

<211> 476

<212> PRT

<213> Burkholderia cepacia

<400> 34

Leu Lys Arg Arg Thr Pro Val Ile Gly Trp Pro Pro Leu Ser Pro Phe  
 1 5 10 15

Ala Arg Pro Ser Val Ala Pro Pro Pro Ser Met Ser Ala Asn Arg Phe  
 20 25 30

Asp Thr Leu Ala Leu His Ala Gly Ala Ala Pro Asp Pro Thr Thr Gly  
 35 40 45

Ala Arg Ala Thr Pro Ile Tyr Gln Thr Thr Ser Phe Ser Phe Arg Asp  
 50 55 60

Ser Asp His Ala Ala Ala Leu Phe Asn Met Glu Arg Ala Gly His Val  
 65 70 75 80

Tyr Ser Arg Ile Ser Asn Pro Thr Val Ala Val Phe Glu Glu Arg Val  
 85 90 95



Ala Ala Leu Glu Asn Gly Ala Gly Ala Ile Gly Thr Ala Ser Gly Gln  
 100 105 110

Ala Ala Leu His Leu Ala Ile Ala Thr Leu Met Gly Ala Gly Ser His  
 115 120 125

Ile Val Ala Ser Ser Ala Leu Tyr Gly Gly Ser His Asn Leu Leu His  
 130 135 140

Tyr Thr Leu Arg Arg Phe Gly Ile Glu Thr Thr Phe Val Lys Pro Gly  
 145 150 155 160

Asp Leu Asp Ala Trp Arg Ala Ala Leu Arg Pro Asn Thr Arg Leu Leu  
 165 170 175

Phe Gly Glu Thr Leu Gly Asn Pro Gly Leu Asp Val Leu Asp Ile Ala  
 180 185 190

Ala Val Ala Gln Ile Ala His Glu His Arg Val Pro Leu Leu Val Asp  
 195 200 205

Ser Thr Phe Thr Thr Pro Tyr Leu Leu Lys Pro Phe Glu His Gly Ala  
 210 215 220

Asp Phe Val Tyr His Ser Ala Thr Lys Phe Leu Gly Gly His Gly Thr  
 225 230 235 240

Thr Ile Gly Gly Val Leu Val Asp Gly Gly Thr Phe Asp Phe Asp Ala  
 245 250 255

Ser Gly Arg Phe Pro Glu Phe Thr Glu Pro Tyr Asp Gly Phe His Gly  
 260 265 270

Met Val Phe Ala Glu Glu Ser Thr Val Ala Pro Phe Leu Leu Arg Ala  
 275 280 285

Arg Arg Glu Gly Leu Arg Asp Phe Gly Ala Cys Leu His Pro Gln Ala  
 290 295 300

Ala Trp Gln Leu Leu Gln Gly Ile Glu Thr Leu Pro Leu Arg Met Glu  
 305 310 315 320

Arg His Val Ala Asn Thr Arg Arg Val Val Glu Phe Leu Ala Gly His  
 325 330 335

Ala Ala Val Gly Ala Val Ala Tyr Pro Glu Leu Pro Thr His Pro Asp

340

345

350

His Ala Leu Ala Lys Arg Leu Leu Pro Arg Gly Ala Gly Ala Val Phe  
 355 360 365

Ser Phe Asp Leu Arg Gly Asp Arg Ala Ala Gly Arg Ser Phe Ile Glu  
 370 375 380

Ala Leu Ser Leu Phe Ser His Leu Ala Asn Val Gly Asp Ala Arg Ser  
 385 390 395 400

Leu Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Phe Arg Met Asp Ala Ala  
 405 410 415

Ala Leu Ala Ala Ala Gly Ile Ala Glu Gly Thr Ile Arg Leu Ser Ile  
 420 425 430

Gly Leu Glu Asp Pro Asp Asp Leu Ile Asp Asp Leu Lys Arg Ala Leu  
 435 440 445

Lys Ala Ala Gln Lys Ala Gly Ser Ser Ser Ala Ala His Gly Gly Ala  
 450 455 460

Ser Gly Ser Ala Ala Gln Pro Arg Pro Glu Ser Ala  
 465 470 475

&lt;210&gt; 35

&lt;211&gt; 1722

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Deinococcus radiodurans

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (1722)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 35

gtg gcc ttc ccg tgc ggt cag gcg ggg aac aag ata aca agg ccg ggc	48
Val Ala Phe Pro Cys Gly Gln Ala Gly Asn Lys Ile Thr Arg Pro Gly	
1 5 10 15	

caa tgt gtc aac ggg ggc agg gca cgc tca gcc ccg tct aag ttt cgc	96
Gln Cys Val Asn Gly Gly Arg Ala Arg Ser Ala Pro Ser Lys Phe Arg	
20 25 30	

ctt gac ccc tta ccc gcc tcc gcg cta ctt ttt gag gag ctc ccg cag	144
Leu Asp Pro Leu Pro Ala Ser Ala Leu Leu Phe Glu Glu Leu Pro Gln	
35 40 45	
cag gag cca ccc act tca gag cgc ccg aga gac ctg gct cga cga cgg	192
Gln Glu Pro Pro Thr Ser Glu Arg Pro Arg Asp Leu Ala Arg Arg Arg	
50 55 60	
cgc ggc aac cgg acc cca tca cgt cac ggt gcc aag gcc agc ccc ctg	240
Arg Gly Asn Arg Thr Pro Ser Arg His Gly Ala Lys Ala Ser Pro Leu	
65 70 75 80	
ggc gtg tca acg atg agc cgc cgg gcg gga cca agc ggg aag gcc acg	288
Gly Val Ser Thr Met Ser Arg Arg Ala Gly Pro Ser Gly Lys Ala Thr	
85 90 95	
cgg atg acg ata ttc aag tgt ccc ttc tcg att cac agc agg cag ggg	336
Arg Met Thr Ile Phe Lys Cys Pro Phe Ser Ile His Ser Arg Gln Gly	
100 105 110	
gag tgc cgt gac tgg cgc ccc cga acc tgc ttc ccc cga gga gcc gcc	384
Glu Cys Arg Asp Trp Arg Pro Arg Thr Cys Phe Pro Arg Gly Ala Ala	
115 120 125	
acc atg acc gat acc aaa cag ccg cag cct ctg cac ttc gag acc ttg	432
Thr Met Thr Asp Thr Lys Gln Pro Gln Pro Leu His Phe Glu Thr Leu	
130 135 140	
cag gtg cac gcc gga caa cgc ccc gac ccc gtg acc gga gcg cag caa	480
Gln Val His Ala Gly Gln Arg Pro Asp Pro Val Thr Gly Ala Gln Gln	
145 150 155 160	
acg ccc atc tac gcc acc aac tcc tac gtg ttc gag tcg ccc gag cac	528
Thr Pro Ile Tyr Ala Thr Asn Ser Tyr Val Phe Glu Ser Pro Glu His	
165 170 175	
gcc gcc gac ctc ttc ggg ctg cgg caa ttc ggc aac atc tac agc cgc	576
Ala Ala Asp Leu Phe Gly Leu Arg Gln Phe Gly Asn Ile Tyr Ser Arg	
180 185 190	
atc atg aac ccc acc aac gac gtg ttc gag cag cgg gtg gcc gcc ctc	624
Ile Met Asn Pro Thr Asn Asp Val Phe Glu Gln Arg Val Ala Ala Leu	
195 200 205	
gaa ggg ggc gtg ggg gcg ctg tcg gtg tcg agc ggg cac gcg ggg cag	672
Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ser Val Ser Ser Gly His Ala Gly Gln	
210 215 220	
ctc gtg aca ttg ctc acg ctg gcg cag gcg gga gac aac atc gtc tcg	720
Leu Val Thr Leu Leu Thr Leu Ala Gln Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser	
225 230 235 240	
tcg ccc aac ctg tac ggc ggc acc gtc aac cag ttc cgc gtc acg ctc	768
Ser Pro Asn Leu Tyr Gly Gly Thr Val Asn Gln Phe Arg Val Thr Leu	
245 250 255	
aag cgg ctc ggc atc gag gtg cgg ttt acc agc aaa gac gag cgc ccc	816
Lys Arg Leu Gly Ile Glu Val Arg Phe Thr Ser Lys Asp Glu Arg Pro	
260 265 270	
gag gaa ttc gcc gcg ctg atc gac gag cgc acg cgg gcc gta tat ctg	864
Glu Glu Phe Ala Ala Leu Ile Asp Glu Arg Thr Arg Ala Val Tyr Leu	

275	280	285	
gaa acc atc ggc aac ccg gcg ctg aac att ccc gat ttc gag ggc gtg Glu Thr Ile Gly Asn Pro Ala Leu Asn Ile Pro Asp Phe Glu Gly Val 290 295 300			912
gcg aaa gtc gcg cac gag cac ggc gtc gcg gtg gtc gtg gac aac acc Ala Lys Val Ala His Glu His Gly Val Ala Val Val Val Asp Asn Thr 305 310 315 320			960
ttc ggg gcc ggc gga tac tac tgc cag ccg ctg cgg cac ggc gcc aac Phe Gly Ala Gly Gly Tyr Tyr Cys Gln Pro Leu Arg His Gly Ala Asn 325 330 335			1008
atc gtg ctg cac tcg gcg agc aag tgg atc ggc ggg cac ggc aac ggc Ile Val Leu His Ser Ala Ser Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Asn Gly 340 345 350			1056
atc ggc ggg gtc atc gtg gac ggc ggg aac ttc gac tgg ggc agc ggg Ile Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Gly Asn Phe Asp Trp Gly Ser Gly 355 360 365			1104
ccg tat ccg ctg atg acc gag ccc tcg ccg agt tat cac ggg ctg aag Arg Tyr Pro Leu Met Thr Glu Pro Ser Pro Ser Tyr His Gly Leu Lys 370 375 380			1152
ttc tgg gag acg ttc ggg gaa ggc aac ggg ctg ggg ctg ccg aac atc Phe Trp Glu Thr Phe Gly Glu Gly Asn Gly Leu Gly Leu Pro Asn Ile 385 390 395 400			1200
gcc ttc atc acc cgc gcc cgc acc gag ggg ctg cgc gac ctg gga acg Ala Phe Ile Thr Arg Ala Arg Thr Glu Gly Leu Arg Asp Leu Gly Thr 405 410 415			1248
acc ctg gcg ccg cag cag gcg tgg cag ttt ctg caa ggc ctt gaa acc Thr Leu Ala Pro Gln Gln Ala Trp Gln Phe Leu Gln Gly Leu Glu Thr 420 425 430			1296
ctg agc ctg cgc gcc gag cgc cac gcc gag aac acc ctg gcg ctg gcg Leu Ser Leu Arg Ala Glu Arg His Ala Glu Asn Thr Leu Ala Leu Ala 435 440 445			1344
cac tgg ctc atc agc cac ccg gac gtg aag cag gtc act tac ccc ggc His Trp Leu Ile Ser His Pro Asp Val Lys Gln Val Thr Tyr Pro Gly 450 455 460			1392
ctg agc aac cac ccc cac tac gac ccg gcg cag acc tac ttg ccg cgc Leu Ser Asn His Pro His Tyr Asp Arg Ala Gln Thr Tyr Leu Pro Arg 465 470 475 480			1440
ggg gcg ggc gcg gtg ctc acc ttc gag ctg cgc ggg ggc cgg gcg gcg Gly Ala Gly Ala Val Leu Thr Phe Glu Leu Arg Gly Gly Arg Ala Ala 485 490 495			1488
ggc gaa gcg ttt att cgc tcg gtc aag ctc gcg cag cac gtc gcc aac Gly Glu Ala Phe Ile Arg Ser Val Lys Leu Ala Gln His Val Ala Asn 500 505 510			1536
gtg ggc gac acc cgc acg ctg gtc att cat ccg gcg agc acc acc cac Val Gly Asp Thr Arg Thr Leu Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His 515 520 525			1584
agc cag ctc gac gag gtg acg cag acg aac gcc ggg gtc acg ccg ggc			1632

Ser Gln Leu Asp Glu Val Thr Gln Thr Asn Ala Gly Val Thr Pro Gly  
 530 535 540

ctc atc cgg gtg tcg gtg ggc atc gag cac gta gac gac atc cgc gag 1680  
 Leu Ile Arg Val Ser Val Gly Ile Glu His Val Asp Asp Ile Arg Glu  
 545 550 555 560

gac ttc gcg cag gcc ctg gcg agc gct ggg gag cgg gcg tga 1722  
 Asp Phe Ala Gln Ala Leu Ala Ser Ala Gly Glu Arg Ala  
 565 570

<210> 36

<211> 573

<212> PRT

<213> Deinococcus radiodurans

<400> 36

Val Ala Phe Pro Cys Gly Gln Ala Gly Asn Lys Ile Thr Arg Pro Gly  
 1 5 10 15

Gln Cys Val Asn Gly Gly Arg Ala Arg Ser Ala Pro Ser Lys Phe Arg  
 20 25 30

Leu Asp Pro Leu Pro Ala Ser Ala Leu Leu Phe Glu Glu Leu Pro Gln  
 35 40 45

Gln Glu Pro Pro Thr Ser Glu Arg Pro Arg Asp Leu Ala Arg Arg Arg  
 50 55 60

Arg Gly Asn Arg Thr Pro Ser Arg His Gly Ala Lys Ala Ser Pro Leu  
 65 70 75 80

Gly Val Ser Thr Met Ser Arg Arg Ala Gly Pro Ser Gly Lys Ala Thr  
 85 90 95

Arg Met Thr Ile Phe Lys Cys Pro Phe Ser Ile His Ser Arg Gln Gly  
 100 105 110

Glu Cys Arg Asp Trp Arg Pro Arg Thr Cys Phe Pro Arg Gly Ala Ala  
 115 120 125

Thr Met Thr Asp Thr Lys Gln Pro Gln Pro Leu His Phe Glu Thr Leu  
 130 135 140

Gln Val His Ala Gly Gln Arg Pro Asp Pro Val Thr Gly Ala Gln Gln  
 145 150 155 160

Thr Pro Ile Tyr Ala Thr Asn Ser Tyr Val Phe Glu Ser Pro Glu His  
 165 170 175

Ala Ala Asp Leu Phe Gly Leu Arg Gln Phe Gly Asn Ile Tyr Ser Arg  
 180 185 190

Ile Met Asn Pro Thr Asn Asp Val Phe Glu Gln Arg Val Ala Ala Leu  
 195 200 205

Glu Gly Gly Val Gly Ala Leu Ser Val Ser Ser Gly His Ala Gly Gln  
 210 215 220

Leu Val Thr Leu Leu Thr Leu Ala Gln Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser  
 225 230 235 240

Ser Pro Asn Leu Tyr Gly Gly Thr Val Asn Gln Phe Arg Val Thr Leu  
 245 250 255

Lys Arg Leu Gly Ile Glu Val Arg Phe Thr Ser Lys Asp Glu Arg Pro  
 260 265 270

Glu Glu Phe Ala Ala Leu Ile Asp Glu Arg Thr Arg Ala Val Tyr Leu  
 275 280 285

Glu Thr Ile Gly Asn Pro Ala Leu Asn Ile Pro Asp Phe Glu Gly Val  
 290 295 300

Ala Lys Val Ala His Glu His Gly Val Ala Val Val Val Asp Asn Thr  
 305 310 315 320

Phe Gly Ala Gly Gly Tyr Tyr Cys Gln Pro Leu Arg His Gly Ala Asn  
 325 330 335

Ile Val Leu His Ser Ala Ser Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Asn Gly  
 340 345 350

Ile Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Gly Asn Phe Asp Trp Gly Ser Gly  
 355 360 365

Arg Tyr Pro Leu Met Thr Glu Pro Ser Pro Ser Tyr His Gly Leu Lys  
 370 375 380

Phe Trp Glu Thr Phe Gly Glu Gly Asn Gly Leu Gly Leu Pro Asn Ile  
 385 390 395 400

Ala Phe Ile Thr Arg Ala Arg Thr Glu Gly Leu Arg Asp Leu Gly Thr  
 405 410 415

Thr Leu Ala Pro Gln Gln Ala Trp Gln Phe Leu Gln Gly Leu Glu Thr  
420 425 430

Leu Ser Leu Arg Ala Glu Arg His Ala Glu Asn Thr Leu Ala Leu Ala  
435 440 445

His Trp Leu Ile Ser His Pro Asp Val Lys Gln Val Thr Tyr Pro Gly  
450 455 460

Leu Ser Asn His Pro His Tyr Asp Arg Ala Gln Thr Tyr Leu Pro Arg  
465 470 475 480

Gly Ala Gly Ala Val Leu Thr Phe Glu Leu Arg Gly Gly Arg Ala Ala  
485 490 495

Gly Glu Ala Phe Ile Arg Ser Val Lys Leu Ala Gln His Val Ala Asn  
500 505 510

Val Gly Asp Thr Arg Thr Leu Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His  
515 520 525

Ser Gln Leu Asp Glu Val Thr Gln Thr Asn Ala Gly Val Thr Pro Gly  
530 535 540

Leu Ile Arg Val Ser Val Gly Ile Glu His Val Asp Asp Ile Arg Glu  
545 550 555 560

Asp Phe Ala Gln Ala Leu Ala Ser Ala Gly Glu Arg Ala  
565 570

<210> 37

<211> 1284

<212> DNA

<213> Rhodobacter capsulatus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1284)

<223>

<400> 37

atg acc gac cag gcc ttt gac acg ctg caa att cac gcg ggc gcc gaa Met Thr Asp Gln Ala Phe Asp Thr Leu Gln Ile His Ala Gly Ala Glu 1 5 10 15 48
ccc gat ccc gcg acg ggc gcg cgg cag gtg ccg att tac cag acc acc Pro Asp Pro Ala Thr Gly Ala Arg Gln Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr 20 25 30 96
tcc tat gtc ttc aag gac gcc gac cat gcc gcg cgc ctg ttc ggg ctg Ser Tyr Val Phe Lys Asp Ala Asp His Ala Ala Arg Leu Phe Gly Leu 35 40 45 144
cag gag gtg ggc tat atc tat tcc cgc ctg acc aac ccg acc gtt tcg Gln Glu Val Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Ser 50 55 60 192
gca ctg gcc gcc cgc gtt gcg gcg ctt gaa ggc ggc gtg ggc gcg gtc Ala Leu Ala Ala Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Val 65 70 75 80 240
tgc tgc tcg tcc ggc cat gcg gcg cag atc atg gcg ctg ttt ccg ctg Cys Cys Ser Ser Gly His Ala Ala Gln Ile Met Ala Leu Phe Pro Leu 85 90 95 288
atg ggg ccg ggg ctg aac atc gtc gcc tcg acc ccg ctt tac ggc ggc Met Gly Pro Gly Leu Asn Ile Val Ala Ser Thr Arg Leu Tyr Gly Gly 100 105 110 336
acg atc acc cag ttc agc cag acc atc aaa cgc ttc ggc tgg tcc tgc Thr Ile Thr Gln Phe Ser Gln Thr Ile Lys Arg Phe Gly Trp Ser Cys 115 120 125 384
acc ttt gtc gat ttc gac gat ctg gcg gcg ctc gag gcc gcg gtg gat Thr Phe Val Asp Phe Asp Asp Leu Ala Ala Leu Glu Ala Ala Val Asp 130 135 140 432
gac aac acc ccg gcg atc ttt tgc gaa tcg atc tcg aac ccg ggc ggc Asp Asn Thr Arg Ala Ile Phe Cys Glu Ser Ile Ser Asn Pro Gly Gly 145 150 155 160 480
tac atc acc gac ctg ccc gcc gtc gcg gcg gtg gcg aac aag gtc ggc Tyr Ile Thr Asp Leu Pro Ala Val Ala Ala Val Ala Asn Lys Val Gly 165 170 175 528
ctg ccg ctc att gtc gac aac acg ctg gcc tcg cct tat ctc tgc cgc Leu Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Leu Ala Ser Pro Tyr Leu Cys Arg 180 185 190 576
ccg atc gag cat ggc gcg acg ctg gtt gtc cat tcc gcc acg aaa tac Pro Ile Glu His Gly Ala Thr Leu Val Val His Ser Ala Thr Lys Tyr 195 200 205 624
ctg acc ggc aac ggc acg gtg acg ggc ggg gtg atc gtc gat tcg ggc Leu Thr Gly Asn Gly Thr Val Thr Gly Gly Val Ile Val Asp Ser Gly 210 215 220 672
aag ttc gac tgg tcg gcc tcg ggc aag ttc ccc agc ctt tcg gcg ccc Lys Phe Asp Trp Ser Ala Ser Gly Lys Phe Pro Ser Leu Ser Ala Pro 225 230 235 240 720
gaa ccc gcc tat cac ggg ctg aag ttc cac gag gca ctc ggc ccg atg Glu Pro Ala Tyr His Gly Leu Lys Phe His Glu Ala Leu Gly Pro Met 245 250 255 768



gcc ttc acc ttc cat tcg atc gcc gtc ggg ctg cgc gat ctg ggc atg 816  
 Ala Phe Thr Phe His Ser Ile Ala Val Gly Leu Arg Asp Leu Gly Met  
                   260                                  265                                  270

acg atg aac ccg cag ggc gcg cat tac acg ctg atg ggg atc gag acg 864  
 Thr Met Asn Pro Gln Gly Ala His Tyr Thr Leu Met Gly Ile Glu Thr  
                   275                                  280                                  285

ctc agc ctg cgc atg gac aag cac gtc gcc aat gcg aag gcg gtg gcg 912  
 Leu Ser Leu Arg Met Asp Lys His Val Ala Asn Ala Lys Ala Val Ala  
                   290                                  295                                  300

gaa tgg ctg gcc aaa gac ccg cgc atc gac ttc gtc acc tgg gcc ggg 960  
 Glu Trp Leu Ala Lys Asp Pro Arg Ile Asp Phe Val Thr Trp Ala Gly  
 305                                  310                                  315                                  320

ctg ccc tcc tcg ccc tgg cac gaa cgc gcc gag cgg ctt tgc ccg aag 1008  
 Leu Pro Ser Ser Pro Trp His Glu Arg Ala Glu Arg Leu Cys Pro Lys  
                                   325                                  330                                  335

ggg gcg ggg gcg ctt ttc acc gtc gcg gtc aag ggc ggc tat gag gcc 1056  
 Gly Ala Gly Ala Leu Phe Thr Val Ala Val Lys Gly Gly Tyr Glu Ala  
                                   340                                  345                                  350

tgc gtg aaa ttg gtc aac aat ctc aag ctg ttc agc cat gtg gca aac 1104  
 Cys Val Lys Leu Val Asn Asn Leu Lys Leu Phe Ser His Val Ala Asn  
                   355                                  360                                  365

ctg ggc gac gcg cgc tcg ctg atc atc cat tcg gcc tcg acc acg cac 1152  
 Leu Gly Asp Ala Arg Ser Leu Ile Ile His Ser Ala Ser Thr Thr His  
                   370                                  375                                  380

cgt cag ctg acc gag gaa cag cag atc aag gcg ggg gcg gcg ccg aat 1200  
 Arg Gln Leu Thr Glu Glu Gln Gln Ile Lys Ala Gly Ala Ala Pro Asn  
 385                                  390                                  395                                  400

gtg gtg cgg ctc tcg atc ggg atc gag aat gcc gcc gat ctg atc gcc 1248  
 Val Val Arg Leu Ser Ile Gly Ile Glu Asn Ala Ala Asp Leu Ile Ala  
                                   405                                  410                                  415

gat ctg gat cag gct ctg gcc gcc gcc acc gcc tga 1284  
 Asp Leu Asp Gln Ala Leu Ala Ala Ala Thr Ala  
                   420                                  425

<210> 38

<211> 427

<212> PRT

<213> Rhodobacter capsulatus

<400> 38

Met Thr Asp Gln Ala Phe Asp Thr Leu Gln Ile His Ala Gly Ala Glu  
 1                  5                                  10                                  15

Pro Asp Pro Ala Thr Gly Ala Arg Gln Val Pro Ile Tyr Gln Thr Thr

20

25

30

Ser Tyr Val Phe Lys Asp Ala Asp His Ala Ala Arg Leu Phe Gly Leu  
 35 40 45

Gln Glu Val Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Ser  
 50 55 60

Ala Leu Ala Ala Arg Val Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Gly Ala Val  
 65 70 75 80

Cys Cys Ser Ser Gly His Ala Ala Gln Ile Met Ala Leu Phe Pro Leu  
 85 90 95

Met Gly Pro Gly Leu Asn Ile Val Ala Ser Thr Arg Leu Tyr Gly Gly  
 100 105 110

Thr Ile Thr Gln Phe Ser Gln Thr Ile Lys Arg Phe Gly Trp Ser Cys  
 115 120 125

Thr Phe Val Asp Phe Asp Asp Leu Ala Ala Leu Glu Ala Ala Val Asp  
 130 135 140

Asp Asn Thr Arg Ala Ile Phe Cys Glu Ser Ile Ser Asn Pro Gly Gly  
 145 150 155 160

Tyr Ile Thr Asp Leu Pro Ala Val Ala Ala Val Ala Asn Lys Val Gly  
 165 170 175

Leu Pro Leu Ile Val Asp Asn Thr Leu Ala Ser Pro Tyr Leu Cys Arg  
 180 185 190

Pro Ile Glu His Gly Ala Thr Leu Val Val His Ser Ala Thr Lys Tyr  
 195 200 205

Leu Thr Gly Asn Gly Thr Val Thr Gly Gly Val Ile Val Asp Ser Gly  
 210 215 220

Lys Phe Asp Trp Ser Ala Ser Gly Lys Phe Pro Ser Leu Ser Ala Pro  
 225 230 235 240

Glu Pro Ala Tyr His Gly Leu Lys Phe His Glu Ala Leu Gly Pro Met  
 245 250 255

Ala Phe Thr Phe His Ser Ile Ala Val Gly Leu Arg Asp Leu Gly Met  
 260 265 270

Thr Met Asn Pro Gln Gly Ala His Tyr Thr Leu Met Gly Ile Glu Thr  
 275 280 285

Leu Ser Leu Arg Met Asp Lys His Val Ala Asn Ala Lys Ala Val Ala  
 290 295 300

Glu Trp Leu Ala Lys Asp Pro Arg Ile Asp Phe Val Thr Trp Ala Gly  
 305 310 315 320

Leu Pro Ser Ser Pro Trp His Glu Arg Ala Glu Arg Leu Cys Pro Lys  
 325 330 335

Gly Ala Gly Ala Leu Phe Thr Val Ala Val Lys Gly Gly Tyr Glu Ala  
 340 345 350

Cys Val Lys Leu Val Asn Asn Leu Lys Leu Phe Ser His Val Ala Asn  
 355 360 365

Leu Gly Asp Ala Arg Ser Leu Ile Ile His Ser Ala Ser Thr Thr His  
 370 375 380

Arg Gln Leu Thr Glu Glu Gln Gln Ile Lys Ala Gly Ala Ala Pro Asn  
 385 390 395 400

Val Val Arg Leu Ser Ile Gly Ile Glu Asn Ala Ala Asp Leu Ile Ala  
 405 410 415

Asp Leu Asp Gln Ala Leu Ala Ala Ala Thr Ala  
 420 425

<210> 39

<211> 1269

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1269)

<223>

<400> 39

atg gaa ttt gca aca aaa tgt cta cat gcc ggt tat aca ccg aaa aat  
 Met Glu Phe Ala Thr Lys Cys Leu His Ala Gly Tyr Thr Pro Lys Asn

1	5				10				15				
ggg gag cct cgt gtt caa ccg atc gta caa agt acc act ttt acc tac	96												
Gly Glu Pro Arg Val Gln Pro Ile Val Gln Ser Thr Thr Phe Thr Tyr													
	20				25				30				
gat tcc gcc gaa gaa att ggt aag tta ttt gat tta caa gcg gct ggc	144												
Asp Ser Ala Glu Glu Ile Gly Lys Leu Phe Asp Leu Gln Ala Ala Gly													
	35				40				45				
tat ttt tac acc cgc ctt tca aat cct act acc aat gcg gca gaa gaa	192												
Tyr Phe Tyr Thr Arg Leu Ser Asn Pro Thr Thr Asn Ala Ala Glu Glu													
	50				55				60				
aaa att acc gca ctt gaa ggc ggt gta gca acc atg tgt acc gca tca	240												
Lys Ile Thr Ala Leu Glu Gly Gly Val Ala Thr Met Cys Thr Ala Ser													
	65				70				75				80
ggg caa gcc gcc gtg ttt tac gcg atg ctc aat att tta caa gcc ggt	288												
Gly Gln Ala Ala Val Phe Tyr Ala Met Leu Asn Ile Leu Gln Ala Gly													
	85				90				95				
gat cac ttt att tct tca tcg tat gtt tac ggt ggt agc tac aac tta	336												
Asp His Phe Ile Ser Ser Ser Tyr Val Tyr Gly Gly Ser Tyr Asn Leu													
	100				105				110				
ttt gca cat acc ttc aaa aaa atg gga att gag gtc act ttt gtg gat	384												
Phe Ala His Thr Phe Lys Lys Met Gly Ile Glu Val Thr Phe Val Asp													
	115				120				125				
caa gat tta cct ctt gag gaa tta aaa aaa gct att cgc cca aat acg	432												
Gln Asp Leu Pro Leu Glu Glu Leu Lys Lys Ala Ile Arg Pro Asn Thr													
	130				135				140				
aaa gcc att ttt gcc gaa act att gcc aat ccc gca tta cgc gtg ttg	480												
Lys Ala Ile Phe Ala Glu Thr Ile Ala Asn Pro Ala Leu Arg Val Leu													
	145				150				155				160
gat att gaa aag ttt gtt gca ctt gcg aag gca gca caa gcc cct tta	528												
Asp Ile Glu Lys Phe Val Ala Leu Ala Lys Ala Ala Gln Ala Pro Leu													
	165				170				175				
tta gtt gac aat act ttt gca acc ccg tat ttt tgt cgc cct atc gaa	576												
Leu Val Asp Asn Thr Phe Ala Thr Pro Tyr Phe Cys Arg Pro Ile Glu													
	180				185				190				
ttt ggt gct aac gtg gta att cat agt acg tca aaa tat tta gat ggg	624												
Phe Gly Ala Asn Val Val Ile His Ser Thr Ser Lys Tyr Leu Asp Gly													
	195				200				205				
cat gcg att gcg ttg gga ggt tcg atc aca gat ggc ggg aat ttt gat	672												
His Ala Ile Ala Leu Gly Gly Ser Ile Thr Asp Gly Gly Asn Phe Asp													
	210				215				220				
tgg aat aat ggt aaa ttc cca caa tta agc aca cct gat caa act tat	720												
Trp Asn Asn Gly Lys Phe Pro Gln Leu Ser Thr Pro Asp Gln Thr Tyr													
	225				230				235				240
cac ggt tta gtt tat acc gaa acc ttt gtt cca gcc gct tat att gtc	768												
His Gly Leu Val Tyr Thr Glu Thr Phe Val Pro Ala Ala Tyr Ile Val													
	245				250				255				
aaa gcc cgt gtg caa tta atg cgt gat tta ggt gcc aca cca gca cca	816												

Lys	Ala	Arg	Val	Gln	Leu	Met	Arg	Asp	Leu	Gly	Ala	Thr	Pro	Ala	Pro		
			260					265					270				
caa	aat	agt	ttc	ttg	ctc	aat	gtg	ggc	atg	gaa	act	ctt	gca	ctg	cgt	864	
Gln	Asn	Ser	Phe	Leu	Leu	Asn	Val	Gly	Met	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Arg		
		275					280					285					
atg	caa	cgt	cat	tat	gaa	aat	gca	caa	gcg	gtc	gcc	gaa	ttt	tta	gaa	912	
Met	Gln	Arg	His	Tyr	Glu	Asn	Ala	Gln	Ala	Val	Ala	Glu	Phe	Leu	Glu		
		290					295				300						
aat	cat	cca	caa	gtg	gca	aaa	gtg	agt	tat	ccg	ggc	ttg	gca	agt	tca	960	
Asn	His	Pro	Gln	Val	Ala	Lys	Val	Ser	Tyr	Pro	Gly	Leu	Ala	Ser	Ser		
305					310					315					320		
cct	gat	cat	gca	cta	aaa	caa	aaa	tat	tta	cca	aac	ggg	tta	tgt	ggg	1008	
Pro	Asp	His	Ala	Leu	Lys	Gln	Lys	Tyr	Leu	Pro	Asn	Gly	Leu	Cys	Gly		
				325					330					335			
gtg	att	tcc	ttt	gaa	att	aga	ggg	gga	aga	gaa	act	gca	gca	aaa	tgg	1056	
Val	Ile	Ser	Phe	Glu	Ile	Arg	Gly	Gly	Arg	Glu	Thr	Ala	Ala	Lys	Trp		
			340					345					350				
ctg	aat	gcg	cta	caa	ctg	gct	tct	cgt	gaa	gtc	cat	gta	gcg	gat	att	1104	
Leu	Asn	Ala	Leu	Gln	Leu	Ala	Ser	Arg	Glu	Val	His	Val	Ala	Asp	Ile		
		355					360					365					
cgc	act	tgt	gct	tta	cat	ccg	gcg	acg	tca	aca	cac	cgt	caa	tta	agt	1152	
Arg	Thr	Cys	Ala	Leu	His	Pro	Ala	Thr	Ser	Thr	His	Arg	Gln	Leu	Ser		
		370					375				380						
gag	gct	gaa	tta	gaa	aaa	gtg	ggg	att	tct	gcg	ggg	tta	att	cgt	ctt	1200	
Glu	Ala	Glu	Leu	Glu	Lys	Val	Gly	Ile	Ser	Ala	Gly	Leu	Ile	Arg	Leu		
385					390					395					400		
tct	tgc	ggg	att	gaa	agt	atc	caa	gat	att	ttg	gct	gac	tta	gaa	caa	1248	
Ser	Cys	Gly	Ile	Glu	Ser	Ile	Gln	Asp	Ile	Leu	Ala	Asp	Leu	Glu	Gln		
			405						410					415			
gca	ttc	cac	gcg	gca	aaa	taa										1269	
Ala	Phe	His	Ala	Ala	Lys												
			420														

&lt;210&gt; 40

&lt;211&gt; 422

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Pasteurella multocida

&lt;400&gt; 40

Met	Glu	Phe	Ala	Thr	Lys	Cys	Leu	His	Ala	Gly	Tyr	Thr	Pro	Lys	Asn
1				5					10					15	

Gly	Glu	Pro	Arg	Val	Gln	Pro	Ile	Val	Gln	Ser	Thr	Thr	Phe	Thr	Tyr
			20					25					30		

Asp Ser Ala Glu Glu Ile Gly Lys Leu Phe Asp Leu Gln Ala Ala Gly  
35 40 45

Tyr Phe Tyr Thr Arg Leu Ser Asn Pro Thr Thr Asn Ala Ala Glu Glu  
50 55 60

Lys Ile Thr Ala Leu Glu Gly Gly Val Ala Thr Met Cys Thr Ala Ser  
65 70 75 80

Gly Gln Ala Ala Val Phe Tyr Ala Met Leu Asn Ile Leu Gln Ala Gly  
85 90 95

Asp His Phe Ile Ser Ser Ser Tyr Val Tyr Gly Gly Ser Tyr Asn Leu  
100 105 110

Phe Ala His Thr Phe Lys Lys Met Gly Ile Glu Val Thr Phe Val Asp  
115 120 125

Gln Asp Leu Pro Leu Glu Glu Leu Lys Lys Ala Ile Arg Pro Asn Thr  
130 135 140

Lys Ala Ile Phe Ala Glu Thr Ile Ala Asn Pro Ala Leu Arg Val Leu  
145 150 155 160

Asp Ile Glu Lys Phe Val Ala Leu Ala Lys Ala Ala Gln Ala Pro Leu  
165 170 175

Leu Val Asp Asn Thr Phe Ala Thr Pro Tyr Phe Cys Arg Pro Ile Glu  
180 185 190

Phe Gly Ala Asn Val Val Ile His Ser Thr Ser Lys Tyr Leu Asp Gly  
195 200 205

His Ala Ile Ala Leu Gly Gly Ser Ile Thr Asp Gly Gly Asn Phe Asp  
210 215 220

Trp Asn Asn Gly Lys Phe Pro Gln Leu Ser Thr Pro Asp Gln Thr Tyr  
225 230 235 240

His Gly Leu Val Tyr Thr Glu Thr Phe Val Pro Ala Ala Tyr Ile Val  
245 250 255

Lys Ala Arg Val Gln Leu Met Arg Asp Leu Gly Ala Thr Pro Ala Pro  
260 265 270

Gln Asn Ser Phe Leu Leu Asn Val Gly Met Glu Thr Leu Ala Leu Arg  
275 280 285

Met Gln Arg His Tyr Glu Asn Ala Gln Ala Val Ala Glu Phe Leu Glu  
 290 295 300

Asn His Pro Gln Val Ala Lys Val Ser Tyr Pro Gly Leu Ala Ser Ser  
 305 310 315 320

Pro Asp His Ala Leu Lys Gln Lys Tyr Leu Pro Asn Gly Leu Cys Gly  
 325 330 335

Val Ile Ser Phe Glu Ile Arg Gly Gly Arg Glu Thr Ala Ala Lys Trp  
 340 345 350

Leu Asn Ala Leu Gln Leu Ala Ser Arg Glu Val His Val Ala Asp Ile  
 355 360 365

Arg Thr Cys Ala Leu His Pro Ala Thr Ser Thr His Arg Gln Leu Ser  
 370 375 380

Glu Ala Glu Leu Glu Lys Val Gly Ile Ser Ala Gly Leu Ile Arg Leu  
 385 390 395 400

Ser Cys Gly Ile Glu Ser Ile Gln Asp Ile Leu Ala Asp Leu Glu Gln  
 405 410 415

Ala Phe His Ala Ala Lys  
 420

<210> 41

<211> 1266

<212> DNA

<213> Clostridium difficile

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1266)

<223>

<400> 41

atg tat aat aaa gaa aca ata tgt gtg caa gga aat tat aaa cca ggt  
 Met Tyr Asn Lys Glu Thr Ile Cys Val Gln Gly Asn Tyr Lys Pro Gly  
 1 5 10 15

aat gga gaa cca aga gta cta cct tta tat caa agt aca act ttt aaa	96
Asn Gly Glu Pro Arg Val Leu Pro Leu Tyr Gln Ser Thr Thr Phe Lys	
20 25 30	
tat agc agt ata gac caa ctt gct gaa tta ttt gat tta aaa gtt gat	144
Tyr Ser Ser Ile Asp Gln Leu Ala Glu Leu Phe Asp Leu Lys Val Asp	
35 40 45	
gga cat ata tat tca aga ata agc aat cct act att caa gct ttt gaa	192
Gly His Ile Tyr Ser Arg Ile Ser Asn Pro Thr Ile Gln Ala Phe Glu	
50 55 60	
gaa aaa ata agt tta cta gag ggt gga gta tct tct gta gct gta tca	240
Glu Lys Ile Ser Leu Glu Gly Gly Val Ser Ser Val Ala Val Ser	
65 70 75 80	
tca ggg caa tct gca aat atg ttg gca gtt tta aat ata tgt aaa tca	288
Ser Gly Gln Ser Ala Asn Met Leu Ala Val Leu Asn Ile Cys Lys Ser	
85 90 95	
gga gat agt ata ctt tgt tct tca aaa gta tat gga gga aca ttc aat	336
Gly Asp Ser Ile Leu Cys Ser Ser Lys Val Tyr Gly Gly Thr Phe Asn	
100 105 110	
tta cta gga cct agt ctt aaa aaa ttt ggt ata gat tta ata tcg ttt	384
Leu Leu Gly Pro Ser Leu Lys Lys Phe Gly Ile Asp Leu Ile Ser Phe	
115 120 125	
gac tta gat tca agt gaa gat gag ata gta gaa ctt gca aag gaa aat	432
Asp Leu Asp Ser Ser Glu Asp Glu Ile Val Glu Leu Ala Lys Glu Asn	
130 135 140	
act aag gtt gtg ttt gca gaa aca ctt gca aat cca act ctt gaa gtc	480
Thr Lys Val Val Phe Ala Glu Thr Leu Ala Asn Pro Thr Leu Glu Val	
145 150 155 160	
ata gat ttt gaa aaa ata gca aat gta gct aag aga att aat gtt cca	528
Ile Asp Phe Glu Lys Ile Ala Asn Val Ala Lys Arg Ile Asn Val Pro	
165 170 175	
ttt att gtt gat aat tca tta gca tct cca gtg ctt tgt aac cct tta	576
Phe Ile Val Asp Asn Ser Leu Ala Ser Pro Val Leu Cys Asn Pro Leu	
180 185 190	
aag tat gga gca aat ata gtt act cat tct acc aca aaa tat tta gat	624
Lys Tyr Gly Ala Asn Ile Val Thr His Ser Thr Thr Lys Tyr Leu Asp	
195 200 205	
ggg cat gct tca agt gtt gga gga att ata gtg gat ggt gga aac ttt	672
Gly His Ala Ser Ser Val Gly Gly Ile Ile Val Asp Gly Gly Asn Phe	
210 215 220	
aac tgg gat aat gga aaa ttt cca gaa tta gtt gag cca gac cca aca	720
Asn Trp Asp Asn Gly Lys Phe Pro Glu Leu Val Glu Pro Asp Pro Thr	
225 230 235 240	
tat cat ggt ata agc tat act caa aaa ttt gga aat gcc gca tat gca	768
Tyr His Gly Ile Ser Tyr Thr Gln Lys Phe Gly Asn Ala Ala Tyr Ala	
245 250 255	
act aaa gca aga gtt cag ttg ctt aga gac tat gga aat tgt tta agc	816
Thr Lys Ala Arg Val Gln Leu Leu Arg Asp Tyr Gly Asn Cys Leu Ser	
260 265 270	



cca ttc aat gcg tat ctt act aat tta aat gtt gaa aca cta cat ctt 864  
 Pro Phe Asn Ala Tyr Leu Thr Asn Leu Asn Val Glu Thr Leu His Leu  
 275 280 285

aga atg gag aga cat agt gaa aat gca ctt aaa ata gct aga ttt tta 912  
 Arg Met Glu Arg His Ser Glu Asn Ala Leu Lys Ile Ala Arg Phe Leu  
 290 295 300

gaa aaa cat gaa aat gta gat tgg att aat tac cca gga ctt gaa gat 960  
 Glu Lys His Glu Asn Val Asp Trp Ile Asn Tyr Pro Gly Leu Glu Asp  
 305 310 315 320

aac aag tat tat gag aat gcc aaa aag tat tta tca aga gga tgt agt 1008  
 Asn Lys Tyr Tyr Glu Asn Ala Lys Lys Tyr Leu Ser Arg Gly Cys Ser  
 325 330 335

ggg gtt tta tca ttt gga gta aga ggt ggg tta gaa aat gcc aaa aaa 1056  
 Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Arg Gly Gly Leu Glu Asn Ala Lys Lys  
 340 345 350

ttt gtg gaa aaa tta cag ata gca tct ttg gtt aca cat gtt tca gat 1104  
 Phe Val Glu Lys Leu Gln Ile Ala Ser Leu Val Thr His Val Ser Asp  
 355 360 365

gta aga act tgt gtt ata cat cca gct tca act act cat aga caa tta 1152  
 Val Arg Thr Cys Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Arg Gln Leu  
 370 375 380

aca gaa gaa caa tta att gca tct gga gta ttg cct tca cta ata aga 1200  
 Thr Glu Glu Gln Leu Ile Ala Ser Gly Val Leu Pro Ser Leu Ile Arg  
 385 390 395 400

tta tct gtt gga ata gaa aat gta gag gat tta ata gct gat tta aat 1248  
 Leu Ser Val Gly Ile Glu Asn Val Glu Asp Leu Ile Ala Asp Leu Asn  
 405 410 415

caa gct tta aat ttc taa 1266  
 Gln Ala Leu Asn Phe  
 420

&lt;210&gt; 42

&lt;211&gt; 421

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Clostridium difficile

&lt;400&gt; 42

Met Tyr Asn Lys Glu Thr Ile Cys Val Gln Gly Asn Tyr Lys Pro Gly  
 1 5 10 15

Asn Gly Glu Pro Arg Val Leu Pro Leu Tyr Gln Ser Thr Thr Phe Lys  
 20 25 30

Tyr Ser Ser Ile Asp Gln Leu Ala Glu Leu Phe Asp Leu Lys Val Asp

35

40

45

Gly His Ile Tyr Ser Arg Ile Ser Asn Pro Thr Ile Gln Ala Phe Glu  
 50 55 60

Glu Lys Ile Ser Leu Leu Glu Gly Gly Val Ser Ser Val Ala Val Ser  
 65 70 75 80

Ser Gly Gln Ser Ala Asn Met Leu Ala Val Leu Asn Ile Cys Lys Ser  
 85 90 95

Gly Asp Ser Ile Leu Cys Ser Ser Lys Val Tyr Gly Gly Thr Phe Asn  
 100 105 110

Leu Leu Gly Pro Ser Leu Lys Lys Phe Gly Ile Asp Leu Ile Ser Phe  
 115 120 125

Asp Leu Asp Ser Ser Glu Asp Glu Ile Val Glu Leu Ala Lys Glu Asn  
 130 135 140

Thr Lys Val Val Phe Ala Glu Thr Leu Ala Asn Pro Thr Leu Glu Val  
 145 150 155 160

Ile Asp Phe Glu Lys Ile Ala Asn Val Ala Lys Arg Ile Asn Val Pro  
 165 170 175

Phe Ile Val Asp Asn Ser Leu Ala Ser Pro Val Leu Cys Asn Pro Leu  
 180 185 190

Lys Tyr Gly Ala Asn Ile Val Thr His Ser Thr Thr Lys Tyr Leu Asp  
 195 200 205

Gly His Ala Ser Ser Val Gly Gly Ile Ile Val Asp Gly Gly Asn Phe  
 210 215 220

Asn Trp Asp Asn Gly Lys Phe Pro Glu Leu Val Glu Pro Asp Pro Thr  
 225 230 235 240

Tyr His Gly Ile Ser Tyr Thr Gln Lys Phe Gly Asn Ala Ala Tyr Ala  
 245 250 255

Thr Lys Ala Arg Val Gln Leu Leu Arg Asp Tyr Gly Asn Cys Leu Ser  
 260 265 270

Pro Phe Asn Ala Tyr Leu Thr Asn Leu Asn Val Glu Thr Leu His Leu  
 275 280 285

Arg Met Glu Arg His Ser Glu Asn Ala Leu Lys Ile Ala Arg Phe Leu  
 290 295 300

Glu Lys His Glu Asn Val Asp Trp Ile Asn Tyr Pro Gly Leu Glu Asp  
 305 310 315 320

Asn Lys Tyr Tyr Glu Asn Ala Lys Lys Tyr Leu Ser Arg Gly Cys Ser  
 325 330 335

Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Arg Gly Gly Leu Glu Asn Ala Lys Lys  
 340 345 350

Phe Val Glu Lys Leu Gln Ile Ala Ser Leu Val Thr His Val Ser Asp  
 355 360 365

Val Arg Thr Cys Val Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Arg Gln Leu  
 370 375 380

Thr Glu Glu Gln Leu Ile Ala Ser Gly Val Leu Pro Ser Leu Ile Arg  
 385 390 395 400

Leu Ser Val Gly Ile Glu Asn Val Glu Asp Leu Ile Ala Asp Leu Asn  
 405 410 415

Gln Ala Leu Asn Phe  
 420

<210> 43

<211> 1272

<212> DNA

<213> Campylobacter jejuni

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1272)

<223>

<400> 43

atg aat ttc aat aaa gaa act tta gca tta cac gga gct tat aat ttt 48  
 Met Asn Phe Asn Lys Glu Thr Leu Ala Leu His Gly Ala Tyr Asn Phe  
 1 5 10 15

gat act caa aga agt att agt gtg cct ata tat caa aac act gcg tat 96  
 Asp Thr Gln Arg Ser Ile Ser Val Pro Ile Tyr Gln Asn Thr Ala Tyr

20	25	30	
aat ttt gaa aat ttg gat caa gct gca gca agg ttt aat ctt caa gaa Asn Phe Glu Asn Leu Asp Gln Ala Ala Ala Arg Phe Asn Leu Gln Glu 35 40 45			144
ctt ggc aat att tac tca aga ctt agc aat cct aca agc gat gtt tta Leu Gly Asn Ile Tyr Ser Arg Leu Ser Asn Pro Thr Ser Asp Val Leu 50 55 60			192
gga caa aga ctt gct aat gtc gaa gga ggg gct ttt gga att cct gtt Gly Gln Arg Leu Ala Asn Val Glu Gly Gly Ala Phe Gly Ile Pro Val 65 70 75 80			240
gct agc ggt atg gca gct tgt ttt tat gct ctt atc aat tta gca agt Ala Ser Gly Met Ala Ala Cys Phe Tyr Ala Leu Ile Asn Leu Ala Ser 85 90 95			288
tcg gga gat aat gtc gcg tat tcg aac aaa att tat ggt ggg act caa Ser Gly Asp Asn Val Ala Tyr Ser Asn Lys Ile Tyr Gly Gly Thr Gln 100 105 110			336
act tta att tct cac aca ctt aaa aat ttt ggc ata gaa gct agg gaa Thr Leu Ile Ser His Thr Leu Lys Asn Phe Gly Ile Glu Ala Arg Glu 115 120 125			384
ttt gat atc gat gat tta gat agc ttg gaa aaa gtt ata gat caa aac Phe Asp Ile Asp Asp Leu Asp Ser Leu Glu Lys Val Ile Asp Gln Asn 130 135 140			432
aca aaa gcg att ttt ttc gaa agt ctt tca aat cct caa att gcc ata Thr Lys Ala Ile Phe Phe Glu Ser Leu Ser Asn Pro Gln Ile Ala Ile 145 150 155 160			480
gct gat ata gaa aaa ata aac caa ata gca aaa aaa cat aaa atc gtt Ala Asp Ile Glu Lys Ile Asn Gln Ile Ala Lys Lys His Lys Ile Val 165 170 175			528
agc att tgt gat aat acc gtt gct act cct ttc tta ctc caa cct ttt Ser Ile Cys Asp Asn Thr Val Ala Thr Pro Phe Leu Leu Gln Pro Phe 180 185 190			576
aaa cat ggc gtg gat gta atc gtg cat agt tta agt aaa tat gta agc Lys His Gly Val Asp Val Ile Val His Ser Leu Ser Lys Tyr Val Ser 195 200 205			624
ggt caa ggc act gct ttg ggt gga gca ctt ata gaa aga aaa gat tta Gly Gln Gly Thr Ala Leu Gly Gly Ala Leu Ile Glu Arg Lys Asp Leu 210 215 220			672
aac gac ttg ctt aaa aat aac gat aga tat aaa gct ttt aac act cct Asn Asp Leu Leu Lys Asn Asn Asp Arg Tyr Lys Ala Phe Asn Thr Pro 225 230 235 240			720
gat cca agt tat cat gga ctg aat tta aat aca ctt gat ttg ccg att Asp Pro Ser Tyr His Gly Leu Asn Leu Asn Thr Leu Asp Leu Pro Ile 245 250 255			768
ttt agt att aga gtc atc atc act tgg ctt aga gat cta gga gct agc Phe Ser Ile Arg Val Ile Ile Thr Trp Leu Arg Asp Leu Gly Ala Ser 260 265 270			816
tta gca cct caa aat gct tgg tta ctt tta caa gga ctt gaa acc ttg			864

Leu Ala Pro Gln Asn Ala Trp Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu Thr Leu  
 275 280 285  
 gca gtg cgt ata gaa aaa cac agt caa aat gct gaa aaa gtt gcg aat 912  
 Ala Val Arg Ile Glu Lys His Ser Gln Asn Ala Glu Lys Val Ala Asn  
 290 295 300  
 ttt tta aat tct cat cct gat atc aag ggc gta aat tat cct act tta 960  
 Phe Leu Asn Ser His Pro Asp Ile Lys Gly Val Asn Tyr Pro Thr Leu  
 305 310 315 320  
 gca agt aat gct tat cat aat tta ttt aaa aaa tat ttt gat aaa aat 1008  
 Ala Ser Asn Ala Tyr His Asn Leu Phe Lys Lys Tyr Phe Asp Lys Asn  
 325 330 335  
 ttt gct agc ggg ctt tta agc ttt gaa gct aaa gat tat gag cat gct 1056  
 Phe Ala Ser Gly Leu Leu Ser Phe Glu Ala Lys Asp Tyr Glu His Ala  
 340 345 350  
 aga aga att tgt gat aaa act caa ctt ttc tta ctt gct gca aat ttg 1104  
 Arg Arg Ile Cys Asp Lys Thr Gln Leu Phe Leu Leu Ala Ala Asn Leu  
 355 360 365  
 ggt gat agc aag tct ttg atc atc cat cct gct tct act act cat tcg 1152  
 Gly Asp Ser Lys Ser Leu Ile Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Ser  
 370 375 380  
 caa cta agc gaa gaa gaa ctc caa aaa gca ggc att acg aaa gct act 1200  
 Gln Leu Ser Glu Glu Glu Leu Gln Lys Ala Gly Ile Thr Lys Ala Thr  
 385 390 395 400  
 ata cgc tta agc ata gga ctt gaa aat agc gat gat ttg ata gcg gat 1248  
 Ile Arg Leu Ser Ile Gly Leu Glu Asn Ser Asp Asp Leu Ile Ala Asp  
 405 410 415  
 tta aaa caa gct ata gaa agt taa 1272  
 Leu Lys Gln Ala Ile Glu Ser  
 420

&lt;210&gt; 44

&lt;211&gt; 423

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Campylobacter jejuni

&lt;400&gt; 44

Met Asn Phe Asn Lys Glu Thr Leu Ala Leu His Gly Ala Tyr Asn Phe  
 1 5 10 15  
 Asp Thr Gln Arg Ser Ile Ser Val Pro Ile Tyr Gln Asn Thr Ala Tyr  
 20 25 30  
 Asn Phe Glu Asn Leu Asp Gln Ala Ala Ala Arg Phe Asn Leu Gln Glu  
 35 40 45

Leu Gly Asn Ile Tyr Ser Arg Leu Ser Asn Pro Thr Ser Asp Val Leu  
50 55 60

Gly Gln Arg Leu Ala Asn Val Glu Gly Gly Ala Phe Gly Ile Pro Val  
65 70 75 80

Ala Ser Gly Met Ala Ala Cys Phe Tyr Ala Leu Ile Asn Leu Ala Ser  
85 90 95

Ser Gly Asp Asn Val Ala Tyr Ser Asn Lys Ile Tyr Gly Gly Thr Gln  
100 105 110

Thr Leu Ile Ser His Thr Leu Lys Asn Phe Gly Ile Glu Ala Arg Glu  
115 120 125

Phe Asp Ile Asp Asp Leu Asp Ser Leu Glu Lys Val Ile Asp Gln Asn  
130 135 140

Thr Lys Ala Ile Phe Phe Glu Ser Leu Ser Asn Pro Gln Ile Ala Ile  
145 150 155 160

Ala Asp Ile Glu Lys Ile Asn Gln Ile Ala Lys Lys His Lys Ile Val  
165 170 175

Ser Ile Cys Asp Asn Thr Val Ala Thr Pro Phe Leu Leu Gln Pro Phe  
180 185 190

Lys His Gly Val Asp Val Ile Val His Ser Leu Ser Lys Tyr Val Ser  
195 200 205

Gly Gln Gly Thr Ala Leu Gly Gly Ala Leu Ile Glu Arg Lys Asp Leu  
210 215 220

Asn Asp Leu Leu Lys Asn Asn Asp Arg Tyr Lys Ala Phe Asn Thr Pro  
225 230 235 240

Asp Pro Ser Tyr His Gly Leu Asn Leu Asn Thr Leu Asp Leu Pro Ile  
245 250 255

Phe Ser Ile Arg Val Ile Ile Thr Trp Leu Arg Asp Leu Gly Ala Ser  
260 265 270

Leu Ala Pro Gln Asn Ala Trp Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu Thr Leu  
275 280 285

Ala Val Arg Ile Glu Lys His Ser Gln Asn Ala Glu Lys Val Ala Asn  
290 295 300

Phe Leu Asn Ser His Pro Asp Ile Lys Gly Val Asn Tyr Pro Thr Leu  
 305 310 315 320

Ala Ser Asn Ala Tyr His Asn Leu Phe Lys Lys Tyr Phe Asp Lys Asn  
 325 330 335

Phe Ala Ser Gly Leu Leu Ser Phe Glu Ala Lys Asp Tyr Glu His Ala  
 340 345 350

Arg Arg Ile Cys Asp Lys Thr Gln Leu Phe Leu Leu Ala Ala Asn Leu  
 355 360 365

Gly Asp Ser Lys Ser Leu Ile Ile His Pro Ala Ser Thr Thr His Ser  
 370 375 380

Gln Leu Ser Glu Glu Glu Leu Gln Lys Ala Gly Ile Thr Lys Ala Thr  
 385 390 395 400

Ile Arg Leu Ser Ile Gly Leu Glu Asn Ser Asp Asp Leu Ile Ala Asp  
 405 410 415

Leu Lys Gln Ala Ile Glu Ser  
 420

<210> 45

<211> 1041

<212> DNA

<213> Streptococcus pneumoniae

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1041)

<223>

<400> 45

ttg	agg	aaa	cca	ggg	aac	att	tat	act	cgt	atc	acc	aat	cct	aca	aca	48
Leu	Arg	Lys	Pro	Gly	Asn	Ile	Tyr	Thr	Arg	Ile	Thr	Asn	Pro	Thr	Thr	
1			5					10					15			

gct	gcc	ctt	gaa	ggg	ggg	gtt	gaa	gcg	cta	gca	aca	gca	tca	ggg	atg	96
Ala	Ala	Leu	Glu	Gly	Gly	Val	Glu	Ala	Leu	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly	Met	
		20						25					30			

act gca gtg act tat acg att ttg gcg att gcc cat gct ggt gac cat	144
Thr Ala Val Thr Tyr Thr Ile Leu Ala Ile Ala His Ala Gly Asp His	
35 40 45	
gta gtg gct gct tcg act att tac ggt gga acc ttc aat ctt ttg aaa	192
Val Val Ala Ala Ser Thr Ile Tyr Gly Gly Thr Phe Asn Leu Leu Lys	
50 55 60	
gaa ccc ctt cct cgt tat ggt atc aca aca acc ttt ttc gat att gat	240
Glu Pro Leu Pro Arg Tyr Gly Ile Thr Thr Thr Phe Phe Asp Ile Asp	
65 70 75 80	
aat ttg gag gaa gta gaa gca gct atc aaa gac aat acc aag ctt gtc	288
Asn Leu Glu Glu Val Glu Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr Lys Leu Val	
85 90 95	
ttg att gaa acc ttg ggt aac ccc ttg att aat att cca gac ctg gaa	336
Leu Ile Glu Thr Leu Gly Asn Pro Leu Ile Asn Ile Pro Asp Leu Glu	
100 105 110	
aaa ctg gca gag att gct cat aaa cat caa atc cca ctt gtg tca gac	384
Lys Leu Ala Glu Ile Ala His Lys His Gln Ile Pro Leu Val Ser Asp	
115 120 125	
aat act ttt gca aca cct tat ttg att aac gtc ttc tct cat ggc gtt	432
Asn Thr Phe Ala Thr Pro Tyr Leu Ile Asn Val Phe Ser His Gly Val	
130 135 140	
gac att gcc att cac tct gtg act aag ttt atc ggt ggg cat ggt aca	480
Asp Ile Ala Ile His Ser Val Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr	
145 150 155 160	
act att gga gga ata att gtc gat agt ggt cgt ttt gac tgg acg gct	528
Thr Ile Gly Gly Ile Ile Val Asp Ser Gly Arg Phe Asp Trp Thr Ala	
165 170 175	
tca ggg aaa ttc cct caa ttt gtt gac gag ggt cca agc tgc cac aat	576
Ser Gly Lys Phe Pro Gln Phe Val Asp Glu Gly Pro Ser Cys His Asn	
180 185 190	
ttg agc tat act cgt gat gtg ggt gca gca gcc ttt att ata gct gtt	624
Leu Ser Tyr Thr Arg Asp Val Gly Ala Ala Ala Phe Ile Ile Ala Val	
195 200 205	
cga gtt caa ttg ctt cgt gat aca ggt gca gcc ttg tca cca ttc aat	672
Arg Val Gln Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ala Ala Leu Ser Pro Phe Asn	
210 215 220	
gct ttc ctc ttg cta caa aga ctt gaa acc tct tca ctt cgt gtg gaa	720
Ala Phe Leu Leu Leu Gln Arg Leu Glu Thr Ser Ser Leu Arg Val Glu	
225 230 235 240	
cgc cat gta caa aat gct gag aca att gtt gat ttt ctt gtc aac cat	768
Arg His Val Gln Asn Ala Glu Thr Ile Val Asp Phe Leu Val Asn His	
245 250 255	
cct aag gta gaa aag gta aat tat cca aaa ctt gca gat agt cct tat	816
Pro Lys Val Glu Lys Val Asn Tyr Pro Lys Leu Ala Asp Ser Pro Tyr	
260 265 270	
cat gcc ttg gct gag aaa tac ttg cca aaa ggt gtc ggt tca atc ttt	864
His Ala Leu Ala Glu Lys Tyr Leu Pro Lys Gly Val Gly Ser Ile Phe	
275 280 285	



acc ttc cac gtc aaa ggt ggc gag gaa gaa gca cgc aag gtc att gat 912  
 Thr Phe His Val Lys Gly Gly Glu Glu Glu Ala Arg Lys Val Ile Asp  
 290 295 300

aat tta gaa atc ttt tct gac ctt gca aac gcg gca gat gct aaa tcg 960  
 Asn Leu Glu Ile Phe Ser Asp Leu Ala Asn Ala Ala Asp Ala Lys Ser  
 305 310 315 320

ctt gtt gtc cat cca gca aca acc act cac ggt caa ttg tca gaa aaa 1008  
 Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Gly Gln Leu Ser Glu Lys  
 325 330 335

gac cta gaa gca gca ggt gtc aca cca aac taa 1041  
 Asp Leu Glu Ala Ala Gly Val Thr Pro Asn  
 340 345

<210> 46

<211> 346

<212> PRT

<213> Streptococcus pneumoniae

<400> 46

Leu Arg Lys Pro Gly Asn Ile Tyr Thr Arg Ile Thr Asn Pro Thr Thr  
 1 5 10 15

Ala Ala Leu Glu Gly Gly Val Glu Ala Leu Ala Thr Ala Ser Gly Met  
 20 25 30

Thr Ala Val Thr Tyr Thr Ile Leu Ala Ile Ala His Ala Gly Asp His  
 35 40 45

Val Val Ala Ala Ser Thr Ile Tyr Gly Gly Thr Phe Asn Leu Leu Lys  
 50 55 60

Glu Pro Leu Pro Arg Tyr Gly Ile Thr Thr Thr Phe Phe Asp Ile Asp  
 65 70 75 80

Asn Leu Glu Glu Val Glu Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr Lys Leu Val  
 85 90 95

Leu Ile Glu Thr Leu Gly Asn Pro Leu Ile Asn Ile Pro Asp Leu Glu  
 100 105 110

Lys Leu Ala Glu Ile Ala His Lys His Gln Ile Pro Leu Val Ser Asp  
 115 120 125

Asn Thr Phe Ala Thr Pro Tyr Leu Ile Asn Val Phe Ser His Gly Val

130

135

140

Asp Ile Ala Ile His Ser Val Thr Lys Phe Ile Gly Gly His Gly Thr  
145 150 155 160

Thr Ile Gly Gly Ile Ile Val Asp Ser Gly Arg Phe Asp Trp Thr Ala  
165 170 175

Ser Gly Lys Phe Pro Gln Phe Val Asp Glu Gly Pro Ser Cys His Asn  
180 185 190

Leu Ser Tyr Thr Arg Asp Val Gly Ala Ala Ala Phe Ile Ile Ala Val  
195 200 205

Arg Val Gln Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ala Ala Leu Ser Pro Phe Asn  
210 215 220

Ala Phe Leu Leu Leu Gln Arg Leu Glu Thr Ser Ser Leu Arg Val Glu  
225 230 235 240

Arg His Val Gln Asn Ala Glu Thr Ile Val Asp Phe Leu Val Asn His  
245 250 255

Pro Lys Val Glu Lys Val Asn Tyr Pro Lys Leu Ala Asp Ser Pro Tyr  
260 265 270

His Ala Leu Ala Glu Lys Tyr Leu Pro Lys Gly Val Gly Ser Ile Phe  
275 280 285

Thr Phe His Val Lys Gly Gly Glu Glu Glu Ala Arg Lys Val Ile Asp  
290 295 300

Asn Leu Glu Ile Phe Ser Asp Leu Ala Asn Ala Ala Asp Ala Lys Ser  
305 310 315 320

Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Gly Gln Leu Ser Glu Lys  
325 330 335

Asp Leu Glu Ala Ala Gly Val Thr Pro Asn  
340 345

&lt;210&gt; 47

&lt;211&gt; 1335

&lt;212&gt; DNA

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (1335)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 47

atg cca tct cat ttc gat act gtt caa cta cac gcc ggc caa gag aac	48
Met Pro Ser His Phe Asp Thr Val Gln Leu His Ala Gly Gln Glu Asn	
1 5 10 15	
cct ggt gac aat gct cac aga tcc aga gct gta cca att tac gcc acc	96
Pro Gly Asp Asn Ala His Arg Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr Ala Thr	
20 25 30	
act tct tat gtt ttc gaa aac tct aag cat ggt tcg caa ttg ttt ggt	144
Thr Ser Tyr Val Phe Glu Asn Ser Lys His Gly Ser Gln Leu Phe Gly	
35 40 45	
cta gaa gtt cca ggt tac gtc tat tcc cgt ttc caa aac cca acc agt	192
Leu Glu Val Pro Gly Tyr Val Tyr Ser Arg Phe Gln Asn Pro Thr Ser	
50 55 60	
aat gtt ttg gaa gaa aga att gct gct tta gaa ggt ggt gct gct gct	240
Asn Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ala Ala Ala	
65 70 75 80	
ttg gct gtt tcc tcc ggt caa gcc gct caa acc ctt gcc atc caa ggt	288
Leu Ala Val Ser Ser Gly Gln Ala Ala Gln Thr Leu Ala Ile Gln Gly	
85 90 95	
ttg gca cac act ggt gac aac atc gtt tcc act tct tac tta tac ggt	336
Leu Ala His Thr Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Tyr Leu Tyr Gly	
100 105 110	
ggt act tat aac cag ttc aaa atc tcg ttc aaa aga ttt ggt atc gag	384
Gly Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Ile Ser Phe Lys Arg Phe Gly Ile Glu	
115 120 125	
gct aga ttt gtt gaa ggt gac aat cca gaa gaa ttc gaa aag gtc ttt	432
Ala Arg Phe Val Glu Gly Asp Asn Pro Glu Glu Phe Glu Lys Val Phe	
130 135 140	
gat gaa aga acc aag gct gtt tat ttg gaa acc att ggt aat cca aag	480
Asp Glu Arg Thr Lys Ala Val Tyr Leu Glu Thr Ile Gly Asn Pro Lys	
145 150 155 160	
tac aat gtt ccg gat ttt gaa aaa att gtt gca att gct cac aaa cac	528
Tyr Asn Val Pro Asp Phe Glu Lys Ile Val Ala Ile Ala His Lys His	
165 170 175	
ggt att cca gtt gtc gtt gac aac aca ttt ggt gcc ggt ggt tac ttc	576
Gly Ile Pro Val Val Val Asp Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly Tyr Phe	
180 185 190	
tgt cag cca att aaa tac ggt gct gat att gta aca cat tct gct acc	624
Cys Gln Pro Ile Lys Tyr Gly Ala Asp Ile Val Thr His Ser Ala Thr	

195	200	205	
aaa tgg att ggt ggt cat ggt act act atc ggt ggt att att gtt gac Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Gly Gly Ile Ile Val Asp 210 215 220			672
tct ggt aag ttc cca tgg aag gac tac cca gaa aag ttc cct caa ttc Ser Gly Lys Phe Pro Trp Lys Asp Tyr Pro Glu Lys Phe Pro Gln Phe 225 230 235 240			720
tct caa cct gcc gaa gga tat cac ggt act atc tac aat gaa gcc tac Ser Gln Pro Ala Glu Gly Tyr His Gly Thr Ile Tyr Asn Glu Ala Tyr 245 250 255			768
ggt aac ttg gca tac atc gtt cat gtt aga act gaa cta tta aga gat Gly Asn Leu Ala Tyr Ile Val His Val Arg Thr Glu Leu Leu Arg Asp 260 265 270			816
ttg ggt cca ttg atg aac cca ttt gcc tct ttc ttg cta cta caa ggt Leu Gly Pro Leu Met Asn Pro Phe Ala Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly 275 280 285			864
gtt gaa aca tta tct ttg aga gct gaa aga cac ggt gaa aat gca ttg Val Glu Thr Leu Ser Leu Arg Ala Glu Arg His Gly Glu Asn Ala Leu 290 295 300			912
aag tta gcc aaa tgg tta gaa caa tcc cca tac gta tct tgg gtt tca Lys Leu Ala Lys Trp Leu Glu Gln Ser Pro Tyr Val Ser Trp Val Ser 305 310 315 320			960
tac cct ggt tta gca tct cat tct cat cat gaa aat gct aag aag tat Tyr Pro Gly Leu Ala Ser His Ser His His Glu Asn Ala Lys Lys Tyr 325 330 335			1008
cta tct aac ggt ttc ggt ggt gtc tta tct ttc ggt gta aaa gac tta Leu Ser Asn Gly Phe Gly Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Lys Asp Leu 340 345 350			1056
cca aat gcc gac aag gaa act gac cca ttc aaa ctt tct ggt gct caa Pro Asn Ala Asp Lys Glu Thr Asp Pro Phe Lys Leu Ser Gly Ala Gln 355 360 365			1104
gtt gtt gac aat tta aag ctt gcc tct aac ttg gcc aat gtt ggt gat Val Val Asp Asn Leu Lys Leu Ala Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp 370 375 380			1152
gcc aag acc tta gtc att gct cca tac ttc act acc cac aaa caa tta Ala Lys Thr Leu Val Ile Ala Pro Tyr Phe Thr Thr His Lys Gln Leu 385 390 395 400			1200
aat gac aaa gaa aag ttg gca tct ggt gtt acc aag gac tta att cgt Asn Asp Lys Glu Lys Leu Ala Ser Gly Val Thr Lys Asp Leu Ile Arg 405 410 415			1248
gtc tct gtt ggt atc gaa ttt att gat gac att att gca gac ttc cag Val Ser Val Gly Ile Glu Phe Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Phe Gln 420 425 430			1296
caa tct ttt gaa act gtt ttc gct ggc caa aaa cca tga Gln Ser Phe Glu Thr Val Phe Ala Gly Gln Lys Pro 435 440			1335

&lt;210&gt; 48

&lt;211&gt; 444

&lt;212&gt; PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

&lt;400&gt; 48

Met Pro Ser His Phe Asp Thr Val Gln Leu His Ala Gly Gln Glu Asn  
1 5 10 15

Pro Gly Asp Asn Ala His Arg Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr Ala Thr  
20 25 30

Thr Ser Tyr Val Phe Glu Asn Ser Lys His Gly Ser Gln Leu Phe Gly  
35 40 45

Leu Glu Val Pro Gly Tyr Val Tyr Ser Arg Phe Gln Asn Pro Thr Ser  
50 55 60

Asn Val Leu Glu Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ala Ala Ala  
65 70 75 80

Leu Ala Val Ser Ser Gly Gln Ala Ala Gln Thr Leu Ala Ile Gln Gly  
85 90 95

Leu Ala His Thr Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Tyr Leu Tyr Gly  
100 105 110

Gly Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Ile Ser Phe Lys Arg Phe Gly Ile Glu  
115 120 125

Ala Arg Phe Val Glu Gly Asp Asn Pro Glu Glu Phe Glu Lys Val Phe  
130 135 140

Asp Glu Arg Thr Lys Ala Val Tyr Leu Glu Thr Ile Gly Asn Pro Lys  
145 150 155 160

Tyr Asn Val Pro Asp Phe Glu Lys Ile Val Ala Ile Ala His Lys His  
165 170 175

Gly Ile Pro Val Val Val Asp Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly Tyr Phe  
180 185 190

Cys Gln Pro Ile Lys Tyr Gly Ala Asp Ile Val Thr His Ser Ala Thr  
195 200 205

Lys Trp Ile Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Gly Gly Ile Ile Val Asp  
 210 215 220

Ser Gly Lys Phe Pro Trp Lys Asp Tyr Pro Glu Lys Phe Pro Gln Phe  
 225 230 235 240

Ser Gln Pro Ala Glu Gly Tyr His Gly Thr Ile Tyr Asn Glu Ala Tyr  
 245 250 255

Gly Asn Leu Ala Tyr Ile Val His Val Arg Thr Glu Leu Leu Arg Asp  
 260 265 270

Leu Gly Pro Leu Met Asn Pro Phe Ala Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly  
 275 280 285

Val Glu Thr Leu Ser Leu Arg Ala Glu Arg His Gly Glu Asn Ala Leu  
 290 295 300

Lys Leu Ala Lys Trp Leu Glu Gln Ser Pro Tyr Val Ser Trp Val Ser  
 305 310 315 320

Tyr Pro Gly Leu Ala Ser His Ser His His Glu Asn Ala Lys Lys Tyr  
 325 330 335

Leu Ser Asn Gly Phe Gly Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Lys Asp Leu  
 340 345 350

Pro Asn Ala Asp Lys Glu Thr Asp Pro Phe Lys Leu Ser Gly Ala Gln  
 355 360 365

Val Val Asp Asn Leu Lys Leu Ala Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp  
 370 375 380

Ala Lys Thr Leu Val Ile Ala Pro Tyr Phe Thr Thr His Lys Gln Leu  
 385 390 395 400

Asn Asp Lys Glu Lys Leu Ala Ser Gly Val Thr Lys Asp Leu Ile Arg  
 405 410 415

Val Ser Val Gly Ile Glu Phe Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Phe Gln  
 420 425 430

Gln Ser Phe Glu Thr Val Phe Ala Gly Gln Lys Pro  
 435 440

&lt;211&gt; 1335

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Kluyveromyces lactis

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (1335)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 49

atg cca tct cac ttc gat act ttg caa ttg cac gct ggt caa gaa aag	48
Met Pro Ser His Phe Asp Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Glu Lys	
1 5 10 15	
act gct gat gct cat aac cca aga gcc gtc cca att tac gct acc act	96
Thr Ala Asp Ala His Asn Pro Arg Ala Val Pro Ile Tyr Ala Thr Thr	
20 25 30	
tct tac gtc ttc aac gac tct aag cat ggt gct caa ttg ttc ggt tta	144
Ser Tyr Val Phe Asn Asp Ser Lys His Gly Ala Gln Leu Phe Gly Leu	
35 40 45	
gaa act cca ggt tac att tac tct cgt att atg aac cct act cta gac	192
Glu Thr Pro Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Ile Met Asn Pro Thr Leu Asp	
50 55 60	
gtc ttg gaa aag aga ttg gca gcc tta gaa ggt ggt att gct gct ttg	240
Val Leu Glu Lys Arg Leu Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ile Ala Ala Leu	
65 70 75 80	
gct act tct tct ggc caa gct gct caa acc ttg gct gtc act ggt ttg	288
Ala Thr Ser Ser Gly Gln Ala Ala Gln Thr Leu Ala Val Thr Gly Leu	
85 90 95	
gcc cac act ggt gac aat att gtc tct acc tct ttc tta tac ggt ggt	336
Ala His Thr Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Gly Gly	
100 105 110	
act tat aac caa ttc aag gtt gcc ttc aag aga tta gga att gaa gct	384
Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Val Ala Phe Lys Arg Leu Gly Ile Glu Ala	
115 120 125	
aga ttt gtc gat ggt gac aag cca gaa gac ttc gaa aag ttg ttc gat	432
Arg Phe Val Asp Gly Asp Lys Pro Glu Asp Phe Glu Lys Leu Phe Asp	
130 135 140	
gaa aag act aag gct ctc tat ctg gaa tct atc ggt aat cct aag tac	480
Glu Lys Thr Lys Ala Leu Tyr Leu Glu Ser Ile Gly Asn Pro Lys Tyr	
145 150 155 160	
aat gtc cca gac ttc gaa aag att gtt gct gtt gct cat aag cat ggt	528
Asn Val Pro Asp Phe Glu Lys Ile Val Ala Val Ala His Lys His Gly	
165 170 175	

atc cca gtt gtt gtt gac aac act ttc ggt gcc ggt ggt ttc ttc tgc Ile Pro Val Val Val Asp Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly Phe Phe Cys 180 185 190	576
caa cct atc aaa tac ggt gct gat atc gtt act cac tct gct acc aag Gln Pro Ile Lys Tyr Gly Ala Asp Ile Val Thr His Ser Ala Thr Lys 195 200 205	624
tgg atc ggt ggt cat ggt gtc acc gtt ggt ggt gtc atc att gac tct Trp Ile Gly Gly His Gly Val Thr Val Gly Gly Val Ile Ile Asp Ser 210 215 220	672
ggt aag ttc cca tgg aag gat tac ccg gaa aag ttc cct caa ttc tct Gly Lys Phe Pro Trp Lys Asp Tyr Pro Glu Lys Phe Pro Gln Phe Ser 225 230 235 240	720
cag cca tct gaa ggt tat cat ggt ttg atc ttc aat gat gcc ttt ggt Gln Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Ile Phe Asn Asp Ala Phe Gly 245 250 255	768
cca gct gct ttc att ggt cat gta aga acc gaa ttg cta aga gat tta Pro Ala Ala Phe Ile Gly His Val Arg Thr Glu Leu Leu Arg Asp Leu 260 265 270	816
ggt cca gtg ttg agt cca ttc gct ggt ttc ttg ttg tta cag ggt ctt Gly Pro Val Leu Ser Pro Phe Ala Gly Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu 275 280 285	864
gaa act ttg tct cta aga ggt gaa aga cac ggt tcc aac gct ttg aag Glu Thr Leu Ser Leu Arg Gly Glu Arg His Gly Ser Asn Ala Leu Lys 290 295 300	912
ttg gct caa tac ttg gaa agt tct cca tac gtt tca tgg gtc tct tac Leu Ala Gln Tyr Leu Glu Ser Ser Pro Tyr Val Ser Trp Val Ser Tyr 305 310 315 320	960
cca ggt ttg cca tct cac tct cac cac gaa aac gct aag aaa tac ttg Pro Gly Leu Pro Ser His Ser His His Glu Asn Ala Lys Lys Tyr Leu 325 330 335	1008
gaa aat ggt ttc ggt ggt gtt tta tcc ttc ggt gtc aaa gat ttg cct Glu Asn Gly Phe Gly Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Lys Asp Leu Pro 340 345 350	1056
aac gct tcc gag gaa tct gat cca ttc aag gct tct ggt gcc caa gtt Asn Ala Ser Glu Glu Ser Asp Pro Phe Lys Ala Ser Gly Ala Gln Val 355 360 365	1104
gtt gac aac ttg aag ctg gct tct aac ttg gca aac gtt ggt gac tcc Val Asp Asn Leu Lys Leu Ala Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser 370 375 380	1152
aag acc ttg gtc att gct cca tac ttc act aca cat caa caa ttg acc Lys Thr Leu Val Ile Ala Pro Tyr Phe Thr Thr His Gln Gln Leu Thr 385 390 395 400	1200
gac gaa gaa aag tta gct tct ggt gtt acc aag gac ttg atc cgt gtt Asp Glu Glu Lys Leu Ala Ser Gly Val Thr Lys Asp Leu Ile Arg Val 405 410 415	1248
tct gtt ggt act gaa ttc att gac gac att att gct gac ttt gaa gca Ser Val Gly Thr Glu Phe Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Phe Glu Ala 420 425 430	1296



tct ttc gct act gtc ttc aat ggc caa aaa cct gaa taa  
Ser Phe Ala Thr Val Phe Asn Gly Gln Lys Pro Glu  
435 440

1335

&lt;210&gt; 50

&lt;211&gt; 444

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Kluyveromyces lactis

&lt;400&gt; 50

Met Pro Ser His Phe Asp Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Glu Lys  
1 5 10 15

Thr Ala Asp Ala His Asn Pro Arg Ala Val Pro Ile Tyr Ala Thr Thr  
20 25 30

Ser Tyr Val Phe Asn Asp Ser Lys His Gly Ala Gln Leu Phe Gly Leu  
35 40 45

Glu Thr Pro Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Ile Met Asn Pro Thr Leu Asp  
50 55 60

Val Leu Glu Lys Arg Leu Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ile Ala Ala Leu  
65 70 75 80

Ala Thr Ser Ser Gly Gln Ala Ala Gln Thr Leu Ala Val Thr Gly Leu  
85 90 95

Ala His Thr Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Gly Gly  
100 105 110

Thr Tyr Asn Gln Phe Lys Val Ala Phe Lys Arg Leu Gly Ile Glu Ala  
115 120 125

Arg Phe Val Asp Gly Asp Lys Pro Glu Asp Phe Glu Lys Leu Phe Asp  
130 135 140

Glu Lys Thr Lys Ala Leu Tyr Leu Glu Ser Ile Gly Asn Pro Lys Tyr  
145 150 155 160

Asn Val Pro Asp Phe Glu Lys Ile Val Ala Val Ala His Lys His Gly  
165 170 175

Ile Pro Val Val Val Asp Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly Phe Phe Cys

180	185	190
Gln Pro Ile Lys Tyr Gly Ala Asp 195	Ile Val Thr His 200	Ser Ala Thr Lys 205
Trp Ile Gly Gly His Gly Val Thr Val Gly Gly Val Ile Ile Asp Ser 210	215	220
Gly Lys Phe Pro Trp Lys Asp Tyr Pro Glu Lys Phe Pro Gln Phe Ser 225	230	235 240
Gln Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Ile Phe Asn Asp Ala Phe Gly 245	250	255
Pro Ala Ala Phe Ile Gly His Val Arg Thr Glu Leu Leu Arg Asp Leu 260	265	270
Gly Pro Val Leu Ser Pro Phe Ala Gly Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu 275	280	285
Glu Thr Leu Ser Leu Arg Gly Glu Arg His Gly Ser Asn Ala Leu Lys 290	295	300
Leu Ala Gln Tyr Leu Glu Ser Ser Pro Tyr Val Ser Trp Val Ser Tyr 305	310	315 320
Pro Gly Leu Pro Ser His Ser His His Glu Asn Ala Lys Lys Tyr Leu 325	330	335
Glu Asn Gly Phe Gly Gly Val Leu Ser Phe Gly Val Lys Asp Leu Pro 340	345	350
Asn Ala Ser Glu Glu Ser Asp Pro Phe Lys Ala Ser Gly Ala Gln Val 355	360	365
Val Asp Asn Leu Lys Leu Ala Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser 370	375	380
Lys Thr Leu Val Ile Ala Pro Tyr Phe Thr Thr His Gln Gln Leu Thr 385	390	395 400
Asp Glu Glu Lys Leu Ala Ser Gly Val Thr Lys Asp Leu Ile Arg Val 405	410	415
Ser Val Gly Thr Glu Phe Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Phe Glu Ala 420	425	430

Ser Phe Ala Thr Val Phe Asn Gly Gln Lys Pro Glu  
 435 440

<210> 51

<211> 1323

<212> DNA

<213> Candida albicans

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1323)

<223>

<400> 51

atg cct tct cac ttt gat aca ctt caa tta cat gct ggt caa cca gtt	48
Met Pro Ser His Phe Asp Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Pro Val	
1 5 10 15	
 gaa aaa cca cac caa cca aga gcc cca cca att tat gca acc acc tcc	96
Glu Lys Pro His Gln Pro Arg Ala Pro Pro Ile Tyr Ala Thr Thr Ser	
20 25 30	
 tat gtt ttc aat gac tct aaa cac ggt gct caa tta ttt ggt tta gaa	144
Tyr Val Phe Asn Asp Ser Lys His Gly Ala Gln Leu Phe Gly Leu Glu	
35 40 45	
 acc cca gga tac att tac tcc aga att atg aat cca aca aac gat gtg	192
Thr Pro Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Ile Met Asn Pro Thr Asn Asp Val	
50 55 60	
 ttt gaa caa aga att gct gcc ttg gaa ggt ggt att ggt gca ttg gcc	240
Phe Glu Gln Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ile Gly Ala Leu Ala	
65 70 75 80	
 act tct tct ggt caa tca gct caa ttc ttg gcc att gct ggg ttg gct	288
Thr Ser Ser Gly Gln Ser Ala Gln Phe Leu Ala Ile Ala Gly Leu Ala	
85 90 95	
 cat gct ggt gat aac att atc agt aca tcc tac ttg tat ggt ggt act	336
His Ala Gly Asp Asn Ile Ile Ser Thr Ser Tyr Leu Tyr Gly Gly Thr	
100 105 110	
 tat aat caa ttc aaa gtt gct ttc aaa cgt ttg ggc att gaa acc aaa	384
Tyr Asn Gln Phe Lys Val Ala Phe Lys Arg Leu Gly Ile Glu Thr Lys	
115 120 125	
 ttc gtt aat ggt gac gcc gct gaa gat ttt gct aaa ttg att gac gac	432
Phe Val Asn Gly Asp Ala Ala Glu Asp Phe Ala Lys Leu Ile Asp Asp	
130 135 140	
 aag aca aaa gct att tat att gaa acc att gga aac cct aaa tat aat	480
Lys Thr Lys Ala Ile Tyr Ile Glu Thr Ile Gly Asn Pro Lys Tyr Asn	

145	150	155	160	
gtt ccg gac ttt gaa aaa atc acc aaa ttg gcc cat gaa cac ggt att				528
Val Pro Asp Phe Glu Lys Ile Thr Lys Leu Ala His Glu His Gly Ile	165	170	175	
cct gtt gtt gtc gac aac act ttt ggt gct ggt gga ttt tta gtt aac				576
Pro Val Val Val Asp Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly Phe Leu Val Asn	180	185	190	
cca att gcc cac ggt gct gat att gtt gtt cat tct gct act aaa tgg				624
Pro Ile Ala His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala Thr Lys Trp	195	200	205	
att ggt ggt cac ggt act aca att gct ggt gtt att gtt gat tcc ggt				672
Ile Gly Gly His Gly Thr Ile Ala Gly Val Ile Val Asp Ser Gly	210	215	220	
aac ttc cca tgg acc gag tac cca gaa aaa tac cca caa ttc tct aaa				720
Asn Phe Pro Trp Thr Glu Tyr Pro Glu Lys Tyr Pro Gln Phe Ser Lys	225	230	235	240
cca tca gaa ggt tac cac ggg ttg atc ttg aat gat gct tta ggt aag				768
Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Ile Leu Asn Asp Ala Leu Gly Lys	245	250	255	
gcc gca tac att ggt cac ttg aga att gaa ttg ttg aga gac ttg ggt				816
Ala Ala Tyr Ile Gly His Leu Arg Ile Glu Leu Leu Arg Asp Leu Gly	260	265	270	
cca gct ttg aat cca ttt gga agt ttt ttg ttg ttg caa ggt tta gaa				864
Pro Ala Leu Asn Pro Phe Gly Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu	275	280	285	
act ttg tct ttg aga gtt gaa aga caa tct gaa aat gct ttg aaa ttg				912
Thr Leu Ser Leu Arg Val Glu Arg Gln Ser Glu Asn Ala Leu Lys Leu	290	295	300	
gcc caa tgg ttg gaa aag aac cca aat gtt gag tct gtg tcc tat ttg				960
Ala Gln Trp Leu Glu Lys Asn Pro Asn Val Glu Ser Val Ser Tyr Leu	305	310	315	320
gga ttg cca tct cac gaa tcc cac gaa ttg agt aaa aaa tac ttg aac				1008
Gly Leu Pro Ser His Glu Ser His Glu Leu Ser Lys Lys Tyr Leu Asn	325	330	335	
aat gac gct aag tac ttt ggt ggt gct tta gca ttt act gtc aag gac				1056
Asn Asp Ala Lys Tyr Phe Gly Gly Ala Leu Ala Phe Thr Val Lys Asp	340	345	350	
atc acc aac acc tcc agc gac cca ttc aat gaa gcc tca cca aag ttg				1104
Ile Thr Asn Thr Ser Ser Asp Pro Phe Asn Glu Ala Ser Pro Lys Leu	355	360	365	
gtt gac aat ttg gag att gct tca aac ttg gct aat gtg ggt gac tct				1152
Val Asp Asn Leu Glu Ile Ala Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser	370	375	380	
aag act ttg gtt att gct cca tgg ttt act aca cat caa caa ttg tct				1200
Lys Thr Leu Val Ile Ala Pro Trp Phe Thr Thr His Gln Gln Leu Ser	385	390	395	400
gat gaa gaa aag ttg gct tct ggt gtt acc aag ggc tta atc aga gtt				1248

Asp Glu Glu Lys Leu Ala Ser Gly Val Thr Lys Gly Leu Ile Arg Val  
 405 410 415

tct act ggt act gaa tat att gat gat att att aac gac ttt gaa caa 1296  
 Ser Thr Gly Thr Glu Tyr Ile Asp Asp Ile Ile Asn Asp Phe Glu Gln  
 420 425 430

gca ttc aag aag gtt tat aac aac taa 1323  
 Ala Phe Lys Lys Val Tyr Asn Asn  
 435 440

<210> 52

<211> 440

<212> PRT

<213> Candida albicans

<400> 52

Met Pro Ser His Phe Asp Thr Leu Gln Leu His Ala Gly Gln Pro Val  
 1 5 10 15

Glu Lys Pro His Gln Pro Arg Ala Pro Pro Ile Tyr Ala Thr Thr Ser  
 20 25 30

Tyr Val Phe Asn Asp Ser Lys His Gly Ala Gln Leu Phe Gly Leu Glu  
 35 40 45

Thr Pro Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Ile Met Asn Pro Thr Asn Asp Val  
 50 55 60

Phe Glu Gln Arg Ile Ala Ala Leu Glu Gly Gly Ile Gly Ala Leu Ala  
 65 70 75 80

Thr Ser Ser Gly Gln Ser Ala Gln Phe Leu Ala Ile Ala Gly Leu Ala  
 85 90 95

His Ala Gly Asp Asn Ile Ile Ser Thr Ser Tyr Leu Tyr Gly Gly Thr  
 100 105 110

Tyr Asn Gln Phe Lys Val Ala Phe Lys Arg Leu Gly Ile Glu Thr Lys  
 115 120 125

Phe Val Asn Gly Asp Ala Ala Glu Asp Phe Ala Lys Leu Ile Asp Asp  
 130 135 140

Lys Thr Lys Ala Ile Tyr Ile Glu Thr Ile Gly Asn Pro Lys Tyr Asn  
 145 150 155 160

Val Pro Asp Phe Glu Lys Ile Thr Lys Leu Ala His Glu His Gly Ile  
 165 170 175

Pro Val Val Val Asp Asn Thr Phe Gly Ala Gly Gly Phe Leu Val Asn  
 180 185 190

Pro Ile Ala His Gly Ala Asp Ile Val Val His Ser Ala Thr Lys Trp  
 195 200 205

Ile Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Ala Gly Val Ile Val Asp Ser Gly  
 210 215 220

Asn Phe Pro Trp Thr Glu Tyr Pro Glu Lys Tyr Pro Gln Phe Ser Lys  
 225 230 235 240

Pro Ser Glu Gly Tyr His Gly Leu Ile Leu Asn Asp Ala Leu Gly Lys  
 245 250 255

Ala Ala Tyr Ile Gly His Leu Arg Ile Glu Leu Leu Arg Asp Leu Gly  
 260 265 270

Pro Ala Leu Asn Pro Phe Gly Ser Phe Leu Leu Leu Gln Gly Leu Glu  
 275 280 285

Thr Leu Ser Leu Arg Val Glu Arg Gln Ser Glu Asn Ala Leu Lys Leu  
 290 295 300

Ala Gln Trp Leu Glu Lys Asn Pro Asn Val Glu Ser Val Ser Tyr Leu  
 305 310 315 320

Gly Leu Pro Ser His Glu Ser His Glu Leu Ser Lys Lys Tyr Leu Asn  
 325 330 335

Asn Asp Ala Lys Tyr Phe Gly Gly Ala Leu Ala Phe Thr Val Lys Asp  
 340 345 350

Ile Thr Asn Thr Ser Ser Asp Pro Phe Asn Glu Ala Ser Pro Lys Leu  
 355 360 365

Val Asp Asn Leu Glu Ile Ala Ser Asn Leu Ala Asn Val Gly Asp Ser  
 370 375 380

Lys Thr Leu Val Ile Ala Pro Trp Phe Thr Thr His Gln Gln Leu Ser  
 385 390 395 400

Asp Glu Glu Lys Leu Ala Ser Gly Val Thr Lys Gly Leu Ile Arg Val  
 405 410 415

Ser Thr Gly Thr Glu Tyr Ile Asp Asp Ile Ile Asn Asp Phe Glu Gln  
 420 425 430

Ala Phe Lys Lys Val Tyr Asn Asn  
 435 440

<210> 53

<211> 1290

<212> DNA

<213> *Schizosaccharomyces pombe*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1290)

<223>

<400> 53

atg cca gtc gag agt gaa cat ttc gaa act tta caa tta cat gct ggc	48
Met Pro Val Glu Ser Glu His Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala Gly	
1 5 10 15	

caa gag cct gat gct gct acc agc tct cgt gcc gtt ccc atc tac gct	96
Gln Glu Pro Asp Ala Ala Thr Ser Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr Ala	
20 25 30	

act act tcc tat gtt ttc cgt gat tgc gac cat ggc ggc cgc ttg ttc	144
Thr Thr Ser Tyr Val Phe Arg Asp Cys Asp His Gly Gly Arg Leu Phe	
35 40 45	

gga tta cag gaa cca ggt tac atc tac tcg cgt atg atg aat ccc acc	192
Gly Leu Gln Glu Pro Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Met Met Asn Pro Thr	
50 55 60	

gcc gac gtt ttt gag aaa cgt att gcc gcc ttg gag cat ggc gct gct	240
Ala Asp Val Phe Glu Lys Arg Ile Ala Ala Leu Glu His Gly Ala Ala	
65 70 75 80	

gca atc gct act agt tcc ggt act tcc gct ctc ttc atg gct ttg acc	288
Ala Ile Ala Thr Ser Ser Gly Thr Ser Ala Leu Phe Met Ala Leu Thr	
85 90 95	

acg ttg gct aag gcc ggt gat aac att gtc tcc act tct tac ctt tat	336
Thr Leu Ala Lys Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Tyr Leu Tyr	
100 105 110	

ggt ggt act tac aac ctc ttc aag gtt acc ctg cct aga ttg gga att	384
Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Lys Val Thr Leu Pro Arg Leu Gly Ile	
115 120 125	

act	acc	aag	ttt	gtc	aat	ggg	gat	gat	cct	aat	gat	ctt	gca	gct	cag	432
Thr	Thr	Lys	Phe	Val	Asn	Gly	Asp	Asp	Pro	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Gln	
130						135					140					
att	gat	gaa	aac	aca	aag	gct	gtt	tac	gtt	gag	tcc	atc	ggc	aat	ccc	480
Ile	Asp	Glu	Asn	Thr	Lys	Ala	Val	Tyr	Val	Glu	Ser	Ile	Gly	Asn	Pro	
145					150					155					160	
atg	tac	aac	gtt	ccc	gat	ttt	gag	cgt	atc	gct	gag	gtt	gct	cat	gcc	528
Met	Tyr	Asn	Val	Pro	Asp	Phe	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Val	Ala	His	Ala	
				165					170					175		
gct	ggg	gtg	cct	tta	atg	gtc	gat	aac	act	ttt	ggc	ggc	ggg	ggg	tat	576
Ala	Gly	Val	Pro	Leu	Met	Val	Asp	Asn	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Tyr	
			180					185					190			
ttg	gtt	cgt	ccc	att	gac	cac	ggg	gcc	gat	atc	gtt	acc	cac	tct	gcc	624
Leu	Val	Arg	Pro	Ile	Asp	His	Gly	Ala	Asp	Ile	Val	Thr	His	Ser	Ala	
		195					200					205				
act	aag	tgg	atc	ggg	ggg	cat	ggc	act	act	att	ggc	ggg	gtg	att	gtt	672
Thr	Lys	Trp	Ile	Gly	Gly	His	Gly	Thr	Thr	Ile	Gly	Gly	Val	Ile	Val	
	210					215					220					
gat	agt	ggg	aag	ttt	gac	tgg	aag	aag	aac	agc	aag	cgt	ttc	cct	gaa	720
Asp	Ser	Gly	Lys	Phe	Asp	Trp	Lys	Lys	Asn	Ser	Lys	Arg	Phe	Pro	Glu	
225					230					235					240	
ttc	aac	gag	cct	cat	ccc	ggg	tac	cat	ggc	atg	gtc	ttt	act	gaa	act	768
Phe	Asn	Glu	Pro	His	Pro	Gly	Tyr	His	Gly	Met	Val	Phe	Thr	Glu	Thr	
				245					250					255		
ttt	ggg	aac	ttg	gca	tat	gct	ttt	gct	tgc	cgt	act	caa	act	ctc	cgt	816
Phe	Gly	Asn	Leu	Ala	Tyr	Ala	Phe	Ala	Cys	Arg	Thr	Gln	Thr	Leu	Arg	
		260						265					270			
gat	gtt	ggg	ggc	aat	gcc	aat	cca	ttc	ggg	gtc	ttt	ttg	ctt	ctt	caa	864
Asp	Val	Gly	Gly	Asn	Ala	Asn	Pro	Phe	Gly	Val	Phe	Leu	Leu	Leu	Gln	
		275					280					285				
ggg	ctt	gaa	acg	ctt	tct	ctt	cgt	atg	gag	cgt	cac	gtt	caa	aat	gca	912
Gly	Leu	Glu	Thr	Leu	Ser	Leu	Arg	Met	Glu	Arg	His	Val	Gln	Asn	Ala	
	290					295					300					
ttt	gct	ctt	gca	aaa	tat	ttg	gaa	aag	cac	ccc	aag	gtt	aac	tgg	gtt	960
Phe	Ala	Leu	Ala	Lys	Tyr	Leu	Glu	Lys	His	Pro	Lys	Val	Asn	Trp	Val	
305					310					315					320	
tct	tac	cct	ggg	ctt	gaa	tct	cac	gtc	tct	cac	aaa	ctt	gcc	aag	aag	1008
Ser	Tyr	Pro	Gly	Leu	Glu	Ser	His	Val	Ser	His	Lys	Leu	Ala	Lys	Lys	
				325					330					335		
tac	ttg	aaa	aat	ggg	tac	ggc	gcc	gtt	ctc	agc	ttt	ggc	gct	aaa	ggg	1056
Tyr	Leu	Lys	Asn	Gly	Tyr	Gly	Ala	Val	Leu	Ser	Phe	Gly	Ala	Lys	Gly	
			340				345						350			
ggc	cct	gat	caa	agt	cgt	aag	gta	gtc	aat	gcc	tta	aag	ctt	gct	agt	1104
Gly	Pro	Asp	Gln	Ser	Arg	Lys	Val	Val	Asn	Ala	Leu	Lys	Leu	Ala	Ser	
		355					360					365				
cag	ttg	gcc	aat	gtt	ggg	gat	gcc	aaa	act	ttg	gtt	atc	gct	cct	gcc	1152
Gln	Leu	Ala	Asn	Val	Gly	Asp	Ala	Lys	Thr	Leu	Val	Ile	Ala	Pro	Ala	
	370					375					380					



tat acc act cat tta caa tta act gat gag gag caa att tct gcc ggt 1200  
 Tyr Thr Thr His Leu Gln Leu Thr Asp Glu Glu Gln Ile Ser Ala Gly  
 385 390 395 400

gtc act aag gat ctt att cgt gtg gcc gtc ggt att gag cac atc gat 1248  
 Val Thr Lys Asp Leu Ile Arg Val Ala Val Gly Ile Glu His Ile Asp  
 405 410 415

gat att atc gcc gac ttt gct caa gct ttg gaa gtt gcc taa 1290  
 Asp Ile Ile Ala Asp Phe Ala Gln Ala Leu Glu Val Ala  
 420 425

<210> 54

<211> 429

<212> PRT

<213> Schizosaccharomyces pombe

<400> 54

Met Pro Val Glu Ser Glu His Phe Glu Thr Leu Gln Leu His Ala Gly  
 1 5 10 15

Gln Glu Pro Asp Ala Ala Thr Ser Ser Arg Ala Val Pro Ile Tyr Ala  
 20 25 30

Thr Thr Ser Tyr Val Phe Arg Asp Cys Asp His Gly Gly Arg Leu Phe  
 35 40 45

Gly Leu Gln Glu Pro Gly Tyr Ile Tyr Ser Arg Met Met Asn Pro Thr  
 50 55 60

Ala Asp Val Phe Glu Lys Arg Ile Ala Ala Leu Glu His Gly Ala Ala  
 65 70 75 80

Ala Ile Ala Thr Ser Ser Gly Thr Ser Ala Leu Phe Met Ala Leu Thr  
 85 90 95

Thr Leu Ala Lys Ala Gly Asp Asn Ile Val Ser Thr Ser Tyr Leu Tyr  
 100 105 110

Gly Gly Thr Tyr Asn Leu Phe Lys Val Thr Leu Pro Arg Leu Gly Ile  
 115 120 125

Thr Thr Lys Phe Val Asn Gly Asp Asp Pro Asn Asp Leu Ala Ala Gln  
 130 135 140

Ile Asp Glu Asn Thr Lys Ala Val Tyr Val Glu Ser Ile Gly Asn Pro

145		150		155		160
Met Tyr Asn Val	Pro Asp Phe Glu Arg Ile Ala Glu Val Ala His Ala					
	165		170			175
Ala Gly Val Pro	Leu Met Val Asp Asn Thr Phe Gly Gly Gly Gly Tyr					
	180		185			190
Leu Val Arg Pro	Ile Asp His Gly Ala Asp Ile Val Thr His Ser Ala					
	195		200			205
Thr Lys Trp Ile	Gly Gly His Gly Thr Thr Ile Gly Gly Val Ile Val					
	210		215			220
Asp Ser Gly Lys	Phe Asp Trp Lys Lys Asn Ser Lys Arg Phe Pro Glu					
	225		230		235	240
Phe Asn Glu Pro	His Pro Gly Tyr His Gly Met Val Phe Thr Glu Thr					
	245		250			255
Phe Gly Asn Leu	Ala Tyr Ala Phe Ala Cys Arg Thr Gln Thr Leu Arg					
	260		265			270
Asp Val Gly Gly	Asn Ala Asn Pro Phe Gly Val Phe Leu Leu Leu Gln					
	275		280			285
Gly Leu Glu Thr	Leu Ser Leu Arg Met Glu Arg His Val Gln Asn Ala					
	290		295			300
Phe Ala Leu Ala	Lys Tyr Leu Glu Lys His Pro Lys Val Asn Trp Val					
	305		310		315	320
Ser Tyr Pro Gly	Leu Glu Ser His Val Ser His Lys Leu Ala Lys Lys					
	325		330			335
Tyr Leu Lys Asn	Gly Tyr Gly Ala Val Leu Ser Phe Gly Ala Lys Gly					
	340		345			350
Gly Pro Asp Gln	Ser Arg Lys Val Val Asn Ala Leu Lys Leu Ala Ser					
	355		360			365
Gln Leu Ala Asn	Val Gly Asp Ala Lys Thr Leu Val Ile Ala Pro Ala					
	370		375		380	
Tyr Thr Thr His	Leu Gln Leu Thr Asp Glu Glu Gln Ile Ser Ala Gly					
	385		390		395	400

Val Thr Lys Asp Leu Ile Arg Val Ala Val Gly Ile Glu His Ile Asp  
405 410 415

Asp Ile Ile Ala Asp Phe Ala Gln Ala Leu Glu Val Ala  
420 425

<210> 55

<211> 52

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 55

cccgggatcc gctagcggcg cgccggccgg cccgggtgtga aataccgcac ag 52

<210> 56

<211> 53

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 56

tctagactcg agcggcccgcg gccggccttt aaattgaaga cgaaagggcc tcg 53

<210> 57

<211> 47

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 57

gagatctaga cccgggggatc cgctagcggg ctgctaaagg aagcgga 47

<210> 58

<211> 38

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 58

gagagggcgcg ccgctagcgt gggcgaagaa ctccagca 38

<210> 59

<211> 34

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 59

gagagggcg cgcgcgcaaag tcccgttcg tgaa

34

<210> 60

<211> 34

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 60

gagagggcg cgcgtcaagt cggcgaagcc acgc

34

<210> 61

<211> 140

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 61

tcgaatttaa atctcgagag gcctgacgtc gggcccggtta ccacgcgtca tatgactagt 60  
tcggacctag ggatatcgtc gacatcgatg ctcttctgcg ttaattaaca attgggatcc 120  
tctagaccgc ggatttaaatt 140

<210> 62

<211> 140

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 62

gatcatttaa atccccgggtc tagaggatcc caattgttaa ttaacgcaga agagcatcga 60  
tgtcgacgat atccctaggt ccgaactagt catatgacgc gtggtaccgc gcccgacgtc 120  
aggcctctcg agatttaaatt 140

<210> 63

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 63

gagagcggcc gccgatcctt tttaacccat cac

33

<210> 64

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 64

aggagcggcc gccatcggca ttttcttttg cg

32

<210> 65

<211> 5091

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Plasmid

<400> 65

```
gccgcgactg ccttcgcgaa gccttgcccc gcggaaatth cctccaccga gttcgtgcac 60
acctctatgc caagcttctt tcacctataa ttcgagagat tggattctta ccgtggaaat 120
tcttcgcaaa aatcgcccc tgatcgccct tgcgacgttg gcgtcggtgc cgctgggtgc 180
gcttggtctg accgacttga tcagcggccg ctcgatttaa atctcgagag gcctgacgtc 240
gggccccggtg ccacgcgtca tatgactagt tgggacctag ggatatcgtc gacatcgatg 300
ctcttctgcg ttaattaaca attgggatcc tctagaccog ggatttaaat cgctagcggg 360
ctgctaaagg aagcgggaaca cgtagaaagc cagtccgcag aaacgggtgct gacccccgat 420
gaatgtcagc tactgggcta tctggacaag ggaaaacgca agcgcaaaaga gaaagcaggt 480
agcttgcaat gggcttacat ggcgatagct agactggcg gttttatgga cagcaagcga 540
accggaattg ccagctgggg cgccctctgg taagggtggg aagccctgca aagtaaactg 600
gatggctttc ttgccgccaa ggatctgatg gcgcagggga tcaagatctg atcaagagac 660
aggatgagga tcgtttcgca tgattgaaca agatggattg cacgcaggtt ctccggccgc 720
ttgggtggag aggctattcg gctatgactg ggcacaacag acaatcggt gctctgatgc 780
cgccgtgttc cggctgtcag cgcagggcg cccggttctt tttgtcaaga ccgacctgtc 840
cgggtccctg aatgaactgc aggacgaggg agcgcggtta tcgtggctgg ccacgacggg 900
cgctccctgc gcagctgtgc tcgacgttgt cactgaagcg ggaagggact ggctgctatt 960
gggcgaagtg ccggggcagg atctcctgtc atctcaact gctcctgccg agaaagtatc 1020
catcatggct gatgcaatgc ggcggtgca tacgcttgat ccggctacct gccattcga 1080
ccaccaagcg aaacatcgca tcgagcgagc acgtactcgg atggaagccg gtcttgctga 1140
tcaggatgat ctggacgaag agcatcaggg gctcgcgcca gccgaactgt tcgccaggct 1200
caaggcgcgc atgcccagcg gcgaggatct cgtcgtgacc catggcgatg cctgcttgcc 1260
gaatatcatg gtggaaaatg gccgcttttc tggattcacc gactgtggcc ggctgggtgt 1320
ggcggaaccg tatcaggaca tagcgttggc taccggtgat attgctgaag agcttggcgg 1380
cgaatgggtg gaccgcttcc tcgtgcttta cggatccgcc gctcccgatt cgcagcgcac 1440
cgccctctat cgccttcttg acgagttctt ctgagcggga ctctgggggt cgaaatgacc 1500
gaccaagcga cgcccaacct gccatcacga gatttcgatt ccaccgccc cttctatgaa 1560
aggttgggct tcggaatcgt ttccgggac gccggtgga tgatcctcca gcgcggggat 1620
ctcatgctgg agttcttcgc ccacgctagc ggcgcgcgg ccggcccggg gtgaaatacc 1680
gcacagatgc gtaaggagaa aataccgcat caggcgctct tccgcttct cgtcactga 1740
ctcgctgcgc tcggctcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa aggcggtaat 1800
acggttatcc acagaatcag gggataacgc aggaagaac atgtgagcaa aaggccagca 1860
aaaggccagg aaccgtaaaa aggcgcggtt gctggcggtt ttccataggc tccgcccccc 1920
tgacgagcat cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga caggactata 1980
aagataccag gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgacctgccc 2040
gcttacccga tacctgtccg ctttctctcc ttccgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc 2100
acgctgtagg tatctcagtt cgggtgtaggt cgttcgctcc aagctggggt gtgtgcacga 2160
acccccggt cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaacct 2220
ggtaagacac gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag 2280
gtatgtaggc ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag 2340
gacagtattt ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttccgaaaaa gaggttggtag 2400
ctcttgatcc ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcgggtgg ttttttggtt gcaagcagca 2460
gattacgcgc agaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga 2520
cgctcagtg aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagattat caaaaaggat 2580
cttcacctag atccttttaa aggcggcgcg gggccgcgca aagtcggct tcgtgaaat 2640
ttcgtgccc cgtgattttc cgccaaaaac tttaacgaac gttcgttata atggtgtcat 2700
gaccttcacg acgaagtact aaaattggcc cgaatcatca gctatggatc tctctgatgt 2760
cgcgctggag tccgacgcgc tcgatgctgc cgtcgattta aaaacgggtg tcggattttt 2820
ccgagctctc gatacgacgg acgcgccagc atcacgagac tgggcccagt ccgcgagcga 2880
```

```

cctagaaact ctcgtggcgg atcttgagga gctggctgac gagctgcgtg ctcgccagc 2940
gccaggagga cgcacagtag tggaggatgc aatcagttgc gcctactgcg gtggcctgat 3000
tcctccccgg cctgaccgcg gaggacggcg cgaaaatat tgctcagatg cgtgtcgtgc 3060
cgcagccagc cgcgagcgcg ccaacaaacg ccacgccgag gagctggagg cggctaggtc 3120
gcaaattggc ctggaagtgc gtcccccgag cgaaattttg gccatggtcg tcacagagct 3180
ggaagcggca gcgagaatta tcgcatcgt ggcggtgccc gcaggcatga caaacatcgt 3240
aaatgccgcg tttcgtgtgc cgtggccgcc caggacgtgt cagcgccgcc accacctgca 3300
ccgaatcggc agcagcgtcg cgcgtcgaaa aagcgcacag gcggcaagaa gcgataagct 3360
gcacgaatac ctgaaaaatg ttgaacgccc cgtgagcggg aactcacagg gcgtcggcta 3420
acccccagtc caaacctggg agaaagcgct caaaaatgac tctagcggat tcacgagaca 3480
ttgacacacc ggcttgaaa ttttcgctg atctgttcga caccatccc gagctcgcgc 3540
tgcatcacg tggctggacg agcgaagacc gccgcgaatt cctcgtcac ctgggcagag 3600
aaaatttcca gggcagcaag acccgcgact tcgccagcgc ttgatcaaa gaccggaca 3660
cggagaaaca cagccgaagt tataccgagt tggttcaaaa tcgcttgccc ggtgccagta 3720
tgttgctctg acgcacgcgc agcacgcagc cgtgcttgc ctggacattg atgtgccgag 3780
ccaccaggcc ggcggaaaaa tcgagcacgt aaaccccgag gtctacgcga ttttgagcg 3840
ctgggcacgc ctggaaaaag cgcagcttg gatcgcggtg aatccactga gcgggaaatg 3900
ccagtcctc tggctcattg atccggtgta tgccgcagca ggcagagca gccgaatat 3960
gcgctgctg gctgcaacga ccgaggaaat gaccgcgtt ttcggcgtg accaggcttt 4020
ttcacatagg ctgagccgtg gccactgcac tctccgacga tcccagccgt accgctggca 4080
tgcccagcac aatcgctgg atcgccatgc tgatcttat gaggttgctc gcatgatctc 4140
aggcacagaa aaacctaaaa aacgctatga gcaggagttt tctagcggac gggcacgtat 4200
cgaagcggca agaaaagcca ctgcggaagc aaaagcactt gccacgcttg aagcaagcct 4260
gccgagcgcc gctgaagcgt ctggagagct gatcgacggc gtccgtgtcc tctggactgc 4320
tccagggcgt gccgcccgtg atgagacggc ttttcgccac gctttgactg tgggatacca 4380
gttaaaaagc gctggtgagc gcctaaaaga caccaagggt catcgagcct acgagcgtgc 4440
ctacaccgtc gctcaggcgg tcggaggagg ccgtgagcct gatctgccgc cggactgtga 4500
ccgccagacg gattggccgc gacgtgtgcg cggctacgtc gctaaaggcc agccagtcgt 4560
ccctgctcgt cagacagaga cgcagagcca gccgaggcga aaagctctgg ccactatggg 4620
aagacgtggc ggtaaaaagg ccgcagaacg ctggaaagac ccaaacagtg agtacgcccg 4680
agcacagcga gaaaaactag ctaagtcacg tcaacgacaa gctaggaaag ctaaaggaaa 4740
tcgcttgacc attgcaggtt ggtttatgac tgttgagggg gagactggct cgtggccgac 4800
aatcaatgaa gctatgtctt aatttagcgt gtcacgtcag accgtgaata gagcacttaa 4860
ggctcggcgg cattgaactt ccacgaggag gccgaaagct tcccagtaaa tgtgccatct 4920
cgtaggcaga aaacggttcc cccgtagggt cctctctttg gcctccttcc taggtcgggc 4980
tgattgctct tgaagctctc tagggggggt cacaccatag gcagataacg ttcccaccg 5040
gctcgcctcg taagcgcaca aggactgctc ccaaagatct tcaaagccac t 5091

```

&lt;210&gt; 66

&lt;211&gt; 4323

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Künstliche Sequenz

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Beschreibung der künstlichen Sequenz: Plasmid

&lt;400&gt; 66

```

tctctcagcg tatggttgct gcctgagctg tagttgcctt catcgatgaa ctgctgtaca 60
ttttgatacg tttttcgtc accgtcaaag attgatttat aatcctctac accgttgatg 120
ttcaaagagc tgtctgatgc tgatacgcta acttgtgcag ttgtcagtg ttgtttgccg 180
taatgtttac cggagaaatc agtgtagaat aaacggattt ttccgtcaga tgtaaatgtg 240
gctgaacctg accattcttg tgtttggtct tttaggatag aatcatttgc atcgaatttg 300
tcgctgtctt taaagacgcg gccagcgttt ttccagctgt caatagaagt ttccgccact 360
ttttgataga acatgtaaat cgatgtgtca tccgcatttt taggatctcc ggctaatagca 420
aagacgatgt ggtagccgtg atagtttgcg acagtgccgt cagcgttttg taatggccag 480
ctgtcccaa cgtccaggcc ttttgagaaa gagatatttt taattgtgga cgaatcaaat 540
tcagaaactt gatatttttc atttttttgc tgttcagggg tttgcagcat atcatggcgt 600
gtaatatggg aaatgccgta tgtttcctta tatggctttt ggttcgtttc tttcgcaaac 660
gcttgagttg cgctcctgc cagcagtgcg gtatgaaagg ttaatactgt tgcttggttt 720
gcaaactttt tgatgttcat cgttcatgtc tcctttttta tgtactgtgt tagcggctctg 780
cttcttccag ccctcctggt tgaagatggc aagttagtta cgcacaataa aaaaagacct 840

```

```

aaaatatgta aggggtgacg ccaaagtata cactttgccc tttacacatt ttaggtcttg 900
cctgctttat cagtaacaaa cccgcgcgat ttacttttcg acctcattct attagactct 960
cgtttgatt gcaactggtc tattttcttc ttttgtttga tagaaaatca taaaaggatt 1020
tgcagactac gggcctaaag aactaaaaaa tctatctgtt tcttttcatt ctctgtattt 1080
tttatagttt ctgttgcatg ggcataaagt tgccttttta atcacaattc agaaaaatc 1140
ataatatctc atttactaa ataatagtga acggcaggta tatgtgatgg gttaaaaagg 1200
atcgggcgcc gctcgattta aatctcgaga ggctgacgt cgggcccggt accacgcgtc 1260
atatgactag ttcggaacct gggatatcgt cgacatcgat gctcttctgc gtttaattac 1320
aattgggata ctctagacct gggattttaa tcgctagcgg gctgctaaag gaagcggaac 1380
acgtagaaaag ccagtcgcga gaaacggtgc tgaccccgga tgaatgtcag ctactgggct 1440
atctggacaa gggaaaacgc aagcgcaaag agaaagcagg tagcttgtag tgggcttaca 1500
tggcgatagc tagactgggc ggttttatgg acagcaagcg aaccggaatt gccagctggg 1560
gcgcctctcg gtaaggttgg gaagccctgc aaagtaaact ggatggcttt ctgcccga 1620
aggatctgat ggcgcagggg atcaagatct gatcaagaga caggatgagg atcgtttcgc 1680
atgattgaac aagatggatt gcacgcagg tctccggccg cttgggtgga gaggctattc 1740
ggctatgact gggcacaaca gacaatcggc tgctctgatg ccgctgtgtt ccggctgtca 1800
gcgcaggggc gcccggttct ttttgtcaag accgacctgt ccggtgccct gaatgaactg 1860
caggacgagg cagcgcggct atcgtggctg gccacgacgg gcgttccttg cgcagctgtg 1920
ctcgacgttg tcaactgaagc gggaaaggac tggctgctat tgggcgaagt gccggggcag 1980
gatctcctgt catctcacct tgctcctgcc gagaaagtat ccatcatggc tgatgcaatg 2040
cggcggtctg atacgcttga tccggctacc tgcccattcg accaccaagc gaaacatcgc 2100
atcgagcgag caggtactcg gatggaagcc ggtcttgctg atcaggatga tctggacgaa 2160
gagcatcagg ggctcgcgcc agccgaactg ttcgccaggc tcaaggcgcg catgcccagc 2220
ggcgaggatc tcgtcgtagc ccatggcgat gcctgcttgc cgaatatcat ggtggaaaat 2280
ggcgctttt ctggattcat cgactgtggc cggctgggtg tggcggaccg ctatcaggac 2340
atagcgttgg ctaccctga tattgtgtaa gagcttggcg gcgaatgggc tgaccgcttc 2400
ctcgtgcttt acggtatcgc cgctcccgat tcgcagcgca tcgecttcta tcgecttctt 2460
gacgagttct tctgagcggg actctggggg tcgaaatgac cgaccaagcg acgcccacc 2520
tgccatcacg agatttcgat tccaccgcgg ccttctatga aagggtgggc ttcggaatcg 2580
ttttccggga cgccggctgg atgacctcc agcgcgggga tctcatgctg gagttcttcg 2640
cccacgctag cggcgcgccg gccggccccg tgtgaaatac cgcacagatg cgtaaggaga 2700
aaataccgca tcaggcgctc tcgcgcttcc tcgctcactg actcgctgcg ctcggtcggt 2760
cggctgcggc gagcggatat agctcactca aaggcggtaa tacggttatc cacagaatca 2820
ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag gaaccgtaaa 2880
aaggccgcgt tgctggcggt tttccatagg ctccgcccc ctgacgagca tcacaaaaat 2940
cgacgctcaa gtcagaggtg gcgaaacccg acaggactat aaagatacca ggcgtttccc 3000
cctggaagct cctcgtgctg cgtggcgctt tctcatagct cgtttaccgg atacctgtcc 3060
gcctttctcc cttcgggaag caagctgggc tgtgtgcacg cagctgttag gtatctcagt 3120
tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc gagtccaacc cggtagaca cgacttatcg 3240
cgctgcgctc tatccggtaa ctatcgcttt taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg cgggtctaca 3300
ccactggcag cagccactgg ctccggaaaa taactacggc ggacagtatt tggtatctgc 3360
gagttcttga agtcggtggc ctccggaaaa agagtgggta gctcttgatc cggcaaaaa 3420
gctctgctga agccagttac tttttttgtt tgcaagcagc agattacgcg cagaaaaaaa 3480
accaccgctg gtagcgggtg gatcttttct acggggtctg acgctcagtg gaacgaaaa 3540
ggatctcaag ggattttggt catgagatta tcaaaaagga tcttcacctt tttatttgtt aactgttaat 3600
tcacgttaag ggcggcgcca tcggcatttt ctcttgaca acagatgttt tcttgctttt gatgttcagc 3720
aaggccggcc tgctctgtt caaggatgct tgattgtttg tctgcgtaga atcctctgtt tgtcatatag 3780
aggaagctcg gcgcaaacgt tcccttcgct tgaggtacag cgaagtgtga gtaagtaaa 3840
cttgtaatca cgacattgtt atccattttt aacacaaggc cagttttgtt cagcggcttg 3900
gttacatcgt taggatcaag agaaacataa ccaagcatgt aaatatcggt agacgtaatg 3960
tatgggccag ttaaagaatt tccgcgggag tcagtgaaca ggtaccattt gccgttcatt 4020
ccgtcaatcg tcgcgcgttc aatttcact atcactcggtt agctcaatca tagatgcaat cagcggtttc 4080
ttaaagacgt tcagtggtga atcgctttgc agaagttttt gactttcttg acggaagaat 4200
atcacttttt tcagtggtga tgctttgtta aataaagatt cttegccttg gtagccatct 4260
aactcagccg tgcggttttt gccatagta taattactaag tttttgtggc ctttatcttc tacgtagtga 4320
gatgtgcttt tgccatagta tttttgtggc
gga

```

4323

<210> 67  
<211> 35  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 67

gagagagaga cgcgtcccag tggctgagac gcatc

35

<210> 68  
<211> 34  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 68

ctctctctgt cgacgaattc aatcttacgg cctg

34

<210> 69  
<211> 5860  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Plasmid

<400> 69

cccgggtacca cgcgtcccag tggctgagac gcatccgcta aagccccagg aaccctgtgc	60
agaaagaaaa cactcctctg gctaggtaga cacagtttat aaaggtagag ttgagcgggt	120
aactgtcagc acgtagatcg aaaggtgcac aaaggtggcc ctggctcgta agaaatatgg	180
cggttcctcg cttgagagtg cggaacgcat tagaaacgtc gctgaacgga tcgttgccac	240
caagaaggct ggaaatgatg tcgtgggtgt ctgctccgca atgggagaca ccacggatga	300
acttctagaa cttgcagcgg cagtgaatcc cgttccgcca gctcgtgaaa tggatatgct	360
cctgactgct ggtgagcgta tttctaacgc tctcgtcgcc atggctattg agtcccttgg	420
cgcagaagcc caatctttca cgggctctca ggctgggtgtg ctcaccaccg agcgccacgg	480
aaacgcacgc attgttgatg tcactccagg tcgtgtgctg gaagcactcg atgagggcaa	540
gatctgcatt gttgctgggt tccagggtgt taataaagaa accgcgatg tcaccacgtt	600
gggtcgtggt ggttctgaca ccactgcagt tgcgttggca gctgctttga acgctgatgt	660
gtgtgagatt tactcggacg ttgacggtgt gtataccgct gaccgcgca tcgttcctaa	720
tgcacagaag ctggaaaagc tcagcttcga agaaatgctg gaacttgctg ctgttggctc	780
caagattttg gtgctgcgca gtgttgaata cgctcgtgca ttcaatgtgc cacttcgcgt	840
acgctcgtct tatagtaatg atcccggcac tttgattgcc ggctctatgg aggatattcc	900



tgtggaagaa	gcagtcctta	ccggtgtcgc	aaccgacaag	tccgaagcca	aagtaaccgt	960
tctgggtatt	tccgataagc	caggcgaggc	tgcaaggtt	ttccgtgcgt	tggctgatgc	1020
agaaatcaac	attgacatgg	ttctgcagaa	cgtctcttct	gtagaagacg	gcaccaccga	1080
catcaccttc	acctgccctc	gttccgacgg	ccgccgcgcg	atggagatct	tgaagaagct	1140
tcaggttcag	ggcaactgga	ccaatgtgct	ttacgacgac	caggtcggca	aagtctccct	1200
cgtgggtgct	ggcatgaagt	ctcaccacgg	tgttaccgca	gagttcatgg	aagctctgcg	1260
cgatgtcaac	gtgaacatcg	aattgatttc	cacctctgag	attcgatattt	ccgtgctgat	1320
ccgtgaagat	gatctggatg	ctgctgcacg	tgcattgcat	gagcagttcc	agctgggcgg	1380
cgaagacgaa	gccgtcgttt	atgcaggcac	cggacgctaa	agttttaaag	gagtagtttt	1440
acaatgacca	ccatcgcagt	tgttggtgca	accggccagg	tcggccagggt	tatgcgccacc	1500
cttttggaag	agcgcaattt	cccagctgac	actgttcggt	tctttgcttc	cccacgttcc	1560
gcaggccgta	agattgaatt	cgtcgacatc	gatgctcttc	tgcgtaatt	aacaattggg	1620
atcctctaga	cccgggattt	aaatcgctag	cgggctgcta	aaggaagcgg	aacacgtaga	1680
aagccagtcc	gcagaaacgg	tgctgacccc	ggatgaatgt	cagctactgg	gctatctgga	1740
caagggaaaa	cgcaagcgca	aagagaaagc	aggtagcttg	cagtgggctt	acatggcgat	1800
agctagactg	ggcggtttta	tggacagcaa	gcgaaccgga	attgccagct	ggggcgccct	1860
ctggtaaggt	tgggaagccc	tgcaaagtaa	actggatggc	tttcttgccg	ccaaggatct	1920
gatggcgag	gggatcaaga	tctgatcaag	agacaggatg	aggatcgttt	cgcattgattg	1980
aacaagatgg	attgcacgca	ggttctccgg	ccgcttgggt	ggagaggcta	ttcggetatg	2040
actgggcaca	acagacaatc	ggctgctctg	atgccgccgt	gttccggctg	tcagcgcagg	2100
ggcgcccggt	tctttttgtc	aagaccgacc	tgtccgggtg	cctgaatgaa	ctgcaggacg	2160
aggcagcgcg	gctatcgtag	ctggccacga	cgggcgttcc	ttgcgcagct	gtgctcgacg	2220
ttgtcactga	agcgggaagg	gactggctgc	tattgggcga	agtgcggggg	caggatctcc	2280
tgtcatctca	ccttgctcct	gccgagaaag	tatccatcat	ggctgatgca	atgcggcggc	2340
tgcatacgct	tgatccggct	acctgcccac	tcgaccacca	agcgaaacat	cgcattcgagc	2400
gagcacgtac	tcggatggaa	gccgggtcttg	tcgatcagga	tgatctggac	gaagagcatc	2460
aggggctcgc	gccagccgaa	ctgttcgcca	ggctcaaggc	gcgcattgcc	gacggcgagg	2520
atctcgtcgt	gacccatggc	gatgcctgct	tgccgaatat	catggtggaa	aatggccgct	2580
tttctggatt	catcgactgt	ggccggctgg	gtgtggcgga	ccgctatcag	gacatagcgt	2640
tggctacccg	tgatattgct	gaagagcttg	gcggcgaaatg	ggctgaccgc	ttcctcgtgc	2700
tttacgggat	cgccgctccc	gattcgcagc	gcattgcctt	ctatgcctt	cttgacgagt	2760
tcttctgagc	gggactctgg	ggttcgaaat	gaccgaccaa	gcgacgcca	acctgccatc	2820

acgagatttc gattccaccg ccgccttcta tgaaagggtg ggcttcggaa tcgttttcgc 2880  
ggacgccggc tggatgatcc tccagcgcg ggatctcatg ctggagttct tcgcccacgc 2940  
tagcggcgcg ccggccggcc cgggtgtgaa taccgcacag atgcgtaagg agaaaatacc 3000  
gcatcaggcg ctcttcgcgt tcctcgcgtca ctgactcgct gcgctcggtc gttcgggtgc 3060  
ggcgagcggc atcagctcac tcaaaggcgg taatacgggt atccacagaa tcaggggata 3120  
acgcaggaaa gaacatgtga gcaaaaggcc agcaaaaggc caggaaccgt aaaaaggccg 3180  
cgttgctggc gtttttccat aggtcccgcc cccctgacga gcatcacaaa aatcgacgct 3240  
caagtcagag gtggcgaaac ccgacaggac tataaagata ccaggcggtt cccctggaa 3300  
gctccctcgt gcgctctcct gttccgacct tgccgcttac cggatacctg tccgcctttc 3360  
tcccttcggg aagcgtggcg ctttctcata gctcacgctg taggtatctc agttcgggtg 3420  
aggctgctcg ctccaagctg ggctgtgtgc acgaaccccc cgttcagccc gaccgctgcg 3480  
ccttatccgg taactatcgt cttgagtcca acccggtaa acacgactta tcgccactgg 3540  
cagcagccac tggtaacagg attagcagag cgaggatatgt aggcggtgct acagagttct 3600  
tgaagtggcg gcctaactac ggctacacta gaaggacagt atttggtatc tgcgctctgc 3660  
tgaagccagt taccttcgga aaaagagttg gtagctcttg atccggcaaa caaaccaccg 3720  
ctggtagcgg tggttttttt gtttgcaagc agcagattac gcgcagaaaa aaaggatctc 3780  
aagaagatcc tttgatcttt tctacggggt ctgacgctca gtggaacgaa aactcacggt 3840  
aagggatattt ggtcatgaga ttatcaaaaa ggatcttcac ctagatcctt ttaaaggccg 3900  
gccgcggccc ccacggcat tttcttttgc gtttttatth gttaactgtt aattgtcctt 3960  
gttcaaggat gctgtctttg acaacagatg ttttcttgcc tttgatgttc agcaggaagc 4020  
tcggcgcaaa cgttgattgt ttgtctgcgt agaatcctct gtttgtcata tagcttgtaa 4080  
tcacgacatt gtttcctttc gcttgaggta cagcgaagtg tgagtaagta aaggttacat 4140  
cgttaggatc aagatccatt tttaacacaa ggccagtttt gttcagcggc ttgtatgggc 4200  
cagttaaaga attagaaaca taaccaagca tgtaaataac gtttagacgta atgccgtcaa 4260  
tcgtcatttt tgatccgcgg gagtcagtga acaggtagca tttgccgttc attttaaaga 4320  
cgttcgcgcg ttcaatttca tctgttactg tgtttagatgc aatcagcggc ttcactactt 4380  
ttttcagtg gtaatcatcg tttagctcaa tcataccgag agcgccgttt gctaactcag 4440  
ccgtgcgttt tttatcgctt tgcagaagtt tttgactttc ttgacggaag aatgatgtgc 4500  
ttttgccata gtatgctttg ttaaataaag attcttcgcc ttggtagcca tcttcagttc 4560  
cagtgtttgc ttcaaatact aagtatttgt ggccctttatc ttctacgtag tgaggatctc 4620  
tcagcgtagt gttgtcgctt gagctgtagt tgccttcac gatgaactgc tgtacatttt 4680

gatacgtttt tccgtcaccg tcaaagattg atttataatc ctctacaccg ttgatgttca 4740  
 aagagctgtc tgatgctgat acgttaactt gtgcagttgt cagtgtttgt ttgccgtaat 4800  
 gtttaccgga gaaatcagtg tagaataaac ggatttttcc gtcagatgta aatgtggctg 4860  
 aacctgacca ttcttgtgtt tgggtctttta ggatagaatc atttgcatcg aatttgtcgc 4920  
 tgtcttttaa gacgcggcca gcgtttttcc agctgtcaat agaagtttcg ccgacttttt 4980  
 gatagaacat gtaaatcgat gtgtcatccg catttttagg atctccggct aatgcaaaga 5040  
 cgatgtggta gccgtgatag tttgcgacag tgccgctcagc gttttgtaat ggccagctgt 5100  
 cccaaacgtc caggcctttt gcagaagaga tatttttaat tgtggacgaa tcaaattcag 5160  
 aaacttgata tttttcattt ttttgctgtt cagggatttg cagcatatca tggcgtgtaa 5220  
 tatgggaaat gccgtatgtt tccttatatg gcttttggtt cgtttctttc gcaaacgctt 5280  
 gagttgcgcc tcctgccagc agtgcggtag taaagggtta tactgttgct tgttttgcaa 5340  
 actttttgat gtccatcggt catgtctcct tttttatgta ctgtgttagc ggtctgcttc 5400  
 ttccagccct cctgtttgaa gatggcaagt tagttacgca caataaaaaa agacctaaaa 5460  
 tatgtaaggg gtgacgcaa agtatacact ttgcccttta cacatttttag gtcttgccctg 5520  
 ctttatcagt aacaaacccg cgcgatttac ttttcgacct cattctatta gactctcggt 5580  
 tggattgcaa ctggtctatt ttcctctttt gtttgataga aaatcataaa aggatttgca 5640  
 gactacgggc ctaaagaact aaaaaatcta tctgtttctt ttcattctct gtatttttta 5700  
 tagtttctgt tgcattgggca taaagttgcc tttttaatca caattcagaa aatatcataa 5760  
 tatctcattt cactaaataa tagtgaacgg caggtatatg tgatgggtta aaaaggatcg 5820  
 gcggccgctc gatttaaate tcgagaggcc tgacgtcggg 5860

&lt;210&gt; 70

&lt;211&gt; 38

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Künstliche Sequenz

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

&lt;400&gt; 70

cggcaccacc gacatcatct tcacctgccc tcgttccg 38

&lt;210&gt; 71

&lt;211&gt; 38

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Künstliche Sequenz

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

&lt;400&gt; 71

cggaacgagg gcaggtgaag atgatgtcgg tgggtgccg 38

<210> 72  
 <211> 1266  
 <212> DNA  
 <213> LysC Mutante  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1) .. (1266)  
 <223>

<400> 72

gtg gcc ctg gtc gta cag aaa tat ggc ggt tcc tcg ctt gag agt gcg	48
Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala	
1 5 10 15	
gaa cgc att aga aac gtc gct gaa cgg atc gtt gcc acc aag aag gct	96
Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala	
20 25 30	
gga aat gat gtc gtg gtt gtc tgc tcc gca atg gga gac acc acg gat	144
Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp	
35 40 45	
gaa ctt cta gaa ctt gca gcg gca gtg aat ccc gtt ccg cca gct cgt	192
Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg	
50 55 60	
gaa atg gat atg ctc ctg act gct ggt gag cgt att tct aac gct ctc	240
Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu	
65 70 75 80	
gtc gcc atg gct att gag tcc ctt ggc gca gaa gcc caa tct ttc acg	288
Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr	
85 90 95	
ggc tct cag gct ggt gtg ctc acc acc gag cgc cac gga aac gca cgc	336
Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg	
100 105 110	
att gtt gat gtc act cca ggt cgt gtg cgt gaa gca ctc gat gag ggc	384
Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly	
115 120 125	
aag atc tgc att gtt gct ggt ttc cag ggt gtt aat aaa gaa acc cgc	432
Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg	
130 135 140	
gat gtc acc acg ttg ggt cgt ggt ggt tct gac acc act gca gtt gcg	480
Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala	
145 150 155 160	
ttg gca gct gct ttg aac gct gat gtg tgt gag att tac tcg gac gtt	528
Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val	
165 170 175	
gac ggt gtg tat acc gct gac ccg cgc atc gtt cct aat gca cag aag	576
Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys	
180 185 190	
ctg gaa aag ctc agc ttc gaa gaa atg ctg gaa ctt gct gct gtt ggc	624
Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly	
195 200 205	

tcc aag att ttg gtg ctg cgc agt gtt gaa tac gct cgt gca ttc aat	672
Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn	
210 215 220	
gtg cca ctt cgc gta cgc tcg tct tat agt aat gat ccc ggc act ttg	720
Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu	
225 230 235 240	
att gcc ggc tct atg gag gat att cct gtg gaa gaa gca gtc ctt acc	768
Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr	
245 250 255	
ggg gtc gca acc gac aag tcc gaa gcc aaa gta acc gtt ctg ggt att	816
Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile	
260 265 270	
tcc gat aag cca ggc gag gct gcg aag gtt ttc cgt gcg ttg gct gat	864
Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp	
275 280 285	
gca gaa atc aac att gac atg gtt ctg cag aac gtc tct tct gta gaa	912
Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu	
290 295 300	
gac ggc acc acc gac atc atc ttc acc tgc cct cgt tcc gac ggc cgc	960
Asp Gly Thr Thr Asp Ile Ile Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg	
305 310 315 320	
cgc gcg atg gag atc ttg aag aag ctt cag gtt cag ggc aac tgg acc	1008
Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr	
325 330 335	
aat gtg ctt tac gac gac cag gtc ggc aaa gtc tcc ctc gtg ggt gct	1056
Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala	
340 345 350	
ggc atg aag tct cac cca ggt gtt acc gca gag ttc atg gaa gct ctg	1104
Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu	
355 360 365	
cgc gat gtc aac gtg aac atc gaa ttg att tcc acc tct gag att cgt	1152
Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg	
370 375 380	
att tcc gtg ctg atc cgt gaa gat gat ctg gat gct gct gca cgt gca	1200
Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala	
385 390 395 400	
ttg cat gag cag ttc cag ctg ggc ggc gaa gac gaa gcc gtc gtt tat	1248
Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr	
405 410 415	
gca ggc acc gga cgc taa	1266
Ala Gly Thr Gly Arg	
420	

&lt;210&gt; 73

&lt;211&gt; 421

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; LysC Mutante

&lt;400&gt; 73

Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala  
 1 5 10 15

Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala  
 20 25 30

Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp  
 35 40 45

Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg  
 50 55 60

Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu  
 65 70 75 80

Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr  
 85 90 95

Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg  
 100 105 110

Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly  
 115 120 125

Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg  
 130 135 140

Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala  
 145 150 155 160

Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val  
 165 170 175

Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys  
 180 185 190

Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly  
 195 200 205

Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn  
 210 215 220

Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu  
 225 230 235 240

Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr

245

250

255

Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile  
260 265 270

Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp  
275 280 285

Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu  
290 295 300

Asp Gly Thr Thr Asp Ile Ile Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg  
305 310 315 320

Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr  
325 330 335

Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala  
340 345 350

Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu  
355 360 365

Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg  
370 375 380

Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala  
385 390 395 400

Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr  
405 410 415

Ala Gly Thr Gly Arg  
420

&lt;210&gt; 74

&lt;211&gt; 5860

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Künstliche Sequenz

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Beschreibung der künstlichen Sequenz:Plasmid

&lt;400&gt; 74

cccgggtacca cgcgtcccag tggctgagac gcatccgcta aagccccagg aaccctgtgc 60

agaaagaaaa cactcctctg gctaggtaga cacagtttat aaaggtagag ttgagcgggt 120

aactgtcagc acgtagatcg aaaggtgcac aaaggtggcc ctggtcgtac agaaatatgg 180

cggttcctcg cttgagagtg cggaacgcat tagaaacgtc gctgaacgga tcgttgccac 240

caagaaggct ggaaatgatg tcgtggttgt ctgctccgca atgggagaca ccacggatga 300  
acttctagaa cttgcagcgg cagtgaatcc cgttccgccca gctcgtgaaa tggatatgct 360  
cctgactgct ggtgagcgta tttctaacgc tctcgtcgcc atggctattg agtcccttgg 420  
cgcagaagcc caatctttca cgggctctca ggctgggtgtg ctcaccaccg agcgccacgg 480  
aaacgcacgc attgttgatg tcactccagg tcgtgtgcgt gaagcactcg atgagggcaa 540  
gatctgcatt gttgctggtt tccagggtgt taataaagaa acccgcgatg tcaccacgtt 600  
gggtcgtggt ggttctgaca ccactgcagt tgcgttgga gctgctttga acgctgatgt 660  
gtgtgagatt tactcggacg ttgacgggtg gtataccgct gacccgcgca tcgttcctaa 720  
tgcacagaag ctggaaaagc tcagcttcga agaatgctg gaacttgctg ctgttggtctc 780  
caagattttg gtgctgcgca gtgttgaata cgctcgtgca ttcaatgtgc cacttcgcgt 840  
acgctcgtct tatagtaatg atccccggcac tttgattgcc ggctctatgg aggatattcc 900  
tgtggaagaa gcagtcctta ccggtgtcgc aaccgacaag tccgaagcca aagtaaccgt 960  
tctgggtatt tccgataagc caggcgaggc tgcaagggtt ttccgtgcgt tggctgatgc 1020  
agaaatcaac attgacatgg ttctgcagaa cgtctcttct gtagaagacg gcaccaccga 1080  
catcatcttc acctgccctc gttccgacgg ccgccgcgcg atggagatct tgaagaagct 1140  
tcaggttcag ggcaactgga ccaatgtgct ttacgacgac caggtcggca aagtctccct 1200  
cgtgggtgct ggcatagaat ctcaccacgg tgttaccgca gagttcatgg aagctctgcg 1260  
cgatgtcaac gtgaacatcg aattgatttc cacctctgag attcgtattt ccgtgctgat 1320  
ccgtgaagat gatctggatg ctgctgcacg tgcattgcat gagcagttcc agctgggcgg 1380  
cgaagacgaa gccgtcgttt atgcaggcac cggacgctaa agttttaaag gagtagtttt 1440  
acaatgacca ccatcgcagt tggttggtgca accggccagg tcggccagggt tatgcgccac 1500  
cttttggaag agcgcaattt ccagctgac actgttcggt tctttgcttc cccacgttcc 1560  
gcaggccgta agattgaatt cgtcgacatc gatgctcttc tgcgttaatt aacaattggg 1620  
atcctctaga cccgggattt aaatcgctag cgggctgcta aaggaagcgg aacacgtaga 1680  
aagccagtcc gcagaaacgg tgctgacccc ggatgaatgt cagctactgg gctatctgga 1740  
caagggaaaa cgcaagcgca aagagaaagc aggtagcttg cagtgggctt acatggcgat 1800  
agctagactg ggcgggtttta tggacagcaa gcgaaccgga attgccagct ggggcgcctt 1860  
ctggtaagggt tgggaagccc tgcaaagtaa actggatggc tttcttgccg ccaaggatct 1920  
gatggcgag gggatcaaga tctgatcaag agacaggatg aggatcgttt cgcattgattg 1980  
aacaagatgg attgcacgca gggtctccgg ccgcttgggt ggagaggcta ttcggctatg 2040  
actgggcaca acagacaatc ggctgctctg atgccgccgt gttccggctg tcagcgagg 2100



ggcgcccggt tctttttgtc aagaccgacc tgtccggtgc cctgaatgaa ctgcaggacg 2160  
aggcagcgcg gctatcgtgg ctggccaaga cgggcgttcc ttgcgcagct gtgctcgacg 2220  
ttgtcactga agcgggaagg gactggctgc tattgggcga agtgccgggg caggatctcc 2280  
tgtcatctca ccttgctcct gccgagaaag tatccatcat ggctgatgca atgcggcggc 2340  
tgcatacgct tgatccgggt acctgcccac tcgaccacca agcgaacacat cgcacgcagc 2400  
gagcacgtac tcggatggaa gccggctcttg tcgatcagga tgatctggac gaagagcatc 2460  
aggggctcgc gccagccgaa ctgttcgcca ggctcaaggc gcgcatgccc gacggcgagg 2520  
atctcgtcgt gacccatggc gatgcctgct tgccgaatat catggtggaa aatggccgct 2580  
tttctggatt catcgactgt ggccggctgg gtgtggcgga ccgctatcag gacatagcgt 2640  
tggtacccg tgatattgct gaagagcttg gcggcgaatg ggctgaccgc ttctcgtgc 2700  
tttacggtat cgccgctccc gattcgcagc gcacgcctt ctatgcctt cttgacgagt 2760  
tcttctgagc gggactctgg ggttcgaaat gaccgaccaa gcgacgcca acctgccatc 2820  
acgagatttc gattccaccg ccgccttcta tgaaagggtg ggcttcggaa tcgttttccg 2880  
ggacgcgggc tggatgatcc tccagcgcg ggatctcatg ctggagttct tcgcccacgc 2940  
tagcggcgcg ccggccggcc cgggtgtgaaa taccgcacag atgcgtaagg agaaaatacc 3000  
gcatcaggcg ctcttccgct tctcgcctca ctgactcgct gcgctcggtc gttcggctgc 3060  
ggcgagcggg atcagctcac tcaaaggcgg taatacgggt atccacagaa tcaggggata 3120  
acgcaggaaa gaacatgtga gcaaaaggcc agcaaaaggc caggaaccgt aaaaaggccg 3180  
cgttgctggc gtttttccat aggtccgccc cccctgacga gcatcacaaa aatcgacgct 3240  
caagtcagag gtggcgaaac ccgacaggac tataaagata ccaggcgttt cccctggaa 3300  
gctccctcgt gcgctctcct gttccgacct tgccgcttac cggatacctg tccgccttcc 3360  
tcccttcggg aagcgtggcg ctttctcata gctcacgctg taggtatctc agttcgggtg 3420  
aggctcgttcg ctccaagctg ggctgtgtgc acgaaccccc cgttcagccc gaccgctgcg 3480  
ccttatccgg taactatcgt cttgagtcca acccggttaag acacgactta tcgccactgg 3540  
cagcagccac tggtaacagg attagcagag cgaggatatgt aggcggtgct acagagttct 3600  
tgaagtgggt gcttaactac ggctacacta gaaggacagt atttggtatc tgcgctctgc 3660  
tgaagccagt taccttcgga aaaagagttg gtagctcttg atccggcaaa caaaccaccg 3720  
ctggtagcgg tggttttttt gtttgcaagc agcagattac gcgcagaaaa aaaggatctc 3780  
aagaagatcc tttgatcttt tctacggggt ctgacgctca gtggaacgaa aactcacggt 3840  
aagggatctt ggtcatgaga ttatcaaaaa ggatcttcac ctagatcctt ttaaaggccg 3900  
gccgcggccg ccatcggcct tttcttttgc gtttttatct gttaactgtt aattgtcctt 3960  
gttcaaggat gctgtctttg acaacagatg tttctctgcc tttgatgttc agcaggaagc 4020

tcggcgcaaa	cgttgattgt	ttgtctgcgt	agaatcctct	gtttgtcata	tagcttgtaa	4080
tcacgacatt	gtttcctttc	gcttgaggta	cagcgaagtg	tgagtaagta	aaggttacat	4140
cgttaggata	aagatccatt	tttaacacaa	ggccagtttt	gttcagcggc	ttgtatgggc	4200
cagttaaaga	attagaaaca	taaccaagca	tgtaaataatc	gtagacgta	atgccgtcaa	4260
tcgtcatttt	tgatccgcgg	gagtcagtga	acaggtacca	tttgccgttc	attttaaaga	4320
cgttcgcgcg	ttcaatttca	tctgttactg	tgtagatgc	aatcagcggg	ttcatcactt	4380
ttttcagtg	gtaatcatcg	tttagctcaa	tcataccgag	agcggcgttt	gctaactcag	4440
ccgtgcggtt	tttatcgctt	tgacagaagt	tttgactttc	ttgacggaag	aatgatgtgc	4500
ttttgccata	gtatgctttg	ttaaataaag	attcttcgcc	ttggtagcca	tcttcagttc	4560
cagtgtttgc	ttcaaatact	aagtatttgt	ggcctttatc	ttctacgtag	tgaggatctc	4620
tcagcgtatg	gttgctgcct	gagctgtagt	tgccctcatc	gatgaactgc	tgtacatttt	4680
gatacgtttt	tccgtcaccg	tcaaagattg	atttataatc	ctctacaccg	ttgatgttca	4740
aagagctgtc	tgatgctgat	acgttaactt	gtgcagttgt	cagtgtttgt	ttgccgtaat	4800
gtttaccgga	gaaatcagtg	tagaataaac	ggattttttc	gtcagatgta	aatgtggctg	4860
aacctgacca	ttcttggtgt	tggtctttta	ggatagaatc	atttgcatcg	aatttgctgc	4920
tgtcttttaa	gacgcggcca	gcgttttttc	agctgtcaat	agaagtttcg	ccgacttttt	4980
gatagaacat	gtaaatcgat	gtgtcatccg	catttttagg	atctccggct	aatgcaaaga	5040
cgatgtggta	gccgtgatag	tttgcgacag	tgccgtcagc	gttttgtaat	ggccagctgt	5100
cccaaacgtc	caggcctttt	gcagaagaga	tatttttaat	tgtggacgaa	tcaaattcag	5160
aaacttgata	tttttcattt	ttttgctgtt	cagggatttg	cagcatatca	tggcgtgtaa	5220
tatgggaaat	gccgtatgtt	tccttatatg	gcttttggtt	cgtttctttc	gcaaacgctt	5280
gagttgcgcc	tcctgccagc	agtgcggtag	taaagggtta	tactgttgct	tgttttgcaa	5340
actttttgat	gttcacgtt	catgtctcct	tttttatgta	ctgtgtagc	ggctctgctc	5400
ttccagccct	cctgtttgaa	gatggcaagt	tagttacgca	caataaaaaa	agacctaaaa	5460
tatgtaaggg	gtgacgcaa	agtatacact	ttgcccttta	cacatttttag	gtcttgccctg	5520
ctttatcagt	aacaaacccg	cgcgatttac	ttttcgacct	cattctatta	gactctcggt	5580
tggaattgcaa	ctggctctatt	ttcctctttt	gtttgataga	aaatcataaa	aggatttgca	5640
gactacgggc	ctaaagaact	aaaaaatcta	tctgtttctt	ttcattctct	gtatttttta	5700
tagttttctgt	tgcatgggca	taaagttgcc	tttttaatca	caattcagaa	aatatcataa	5760
tatctcatth	cactaaataa	tagtgaacgg	caggtatatg	tgatgggtta	aaaaggatcg	5820
gcggccgctc	gatttaaate	tcgagaggcc	tgacgtcggg			5860

<210> 75  
<211> 31  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 75  
gagaggatcc ggaaggtgaa tcgaatttcg g

31

<210> 76  
<211> 40  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 76  
ctattgctgt cggcgctcat gattctccaa aaataatcgc

40

<210> 77  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 77  
atgagcgccg acagcaatag

20

<210> 78  
<211> 29  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 78  
gaactctaga tcagaacgcc gccacggac

29

<210> 79  
<211> 6591  
<212> DNA  
<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Plasmid

<400> 79  
gatccggaag gtgaatcgaa tttcggggct ttaaagcaaa aatgaacagc ttggtctata  
gtggctaggt accctttttg ttttggacac atgtagggtg gccgaaacaa agtaatagga  
caacaacgct cgaccgcgat tattttttgga gaatcatgag cgccgacagc aatagcaccg

60

120

180

acgccgatcc	gaccgcgcac	tggtcggttcg	aaaccaaaca	gatacacgct	ggtcagcacc	240
ctgatccgac	caccaacgcc	cggtctctgc	cgatctatgc	gaccacgtcg	tacaccttcg	300
acgacaccgc	gcacgcgcgc	gccctgttcg	gactggaaat	tccgggcaat	atctacaccc	360
ggatcggcaa	ccccaccacc	gacgtcgtcg	agcagcgcac	cgccgcgctc	gagggcggtg	420
tgcccgcgct	gttcctgtcg	tggggcagg	ccggcgagac	gttcgccatc	ttgaacctgg	480
ccggcgcggg	cgatcacatc	gtgtccagcc	cgcgcctgta	cggcggcacc	tacaacctgt	540
tccactattc	gctggccaag	ctcggcacgc	aggtcagctt	cgtcgacgat	ccggacgacg	600
tggacacctg	gcaggcgggc	gtacggccca	acaccaaggc	gttcttcgcc	gagaccatct	660
ccaacccgca	gatcgacctg	ctggacaccc	cggcggtttc	cgaggtcgcc	catcgcaacg	720
gggtgccggt	gatcgtcgac	aacaccatcg	ccacgccata	cctgatccaa	ccgttggtccc	780
agggcgccga	catcgtcgtg	cattcgggca	ccaagtacct	ggcggggcac	ggtgccgcca	840
tccggggtgt	gatcgtcgac	ggcggaact	tccattggac	ccaggcgccg	ttccccggct	900
tcaccacccc	cgaccccagc	taccacggcg	tggtgttcgc	cgagctgggt	ccaccggcgt	960
ttgcgctcaa	agctcgagtg	cagctgctcc	gtgactacgg	ctcgcgggct	tcccggttca	1020
acgcgttctt	ggtggcgagc	ggtctggaaa	cgctgagcct	gcggatcgag	cggcacgtcg	1080
ccaacgcgca	gcgcgtcgcc	gagttcctgg	ccgcccgcga	cgacgtgctt	tccgtcaact	1140
atggggggct	gccctcctcg	ccctggcatg	agcggggcca	gaggctggcg	ccaaggggaa	1200
ccggggccgt	gctgtccttc	gagttggccg	gcggcatcga	ggccggcaag	gcattcgtga	1260
acgcgttgaa	gctgcacagc	cacgtcgcca	acatcgggtg	cgtgcgctcg	ctggtgatcc	1320
acccggcatc	gaccactcat	gccagctga	gcccggccga	gcagctggcg	accgggggtca	1380
gcccgggcct	ggtgcgtttg	gctgtgggca	tccaagggtat	cgacgatatc	ctggccgacc	1440
tggagcttgg	ctttgccgcg	gcccgcagat	tcagcgccga	cccgcagtcc	gtggcgccgt	1500
tctgatctag	acccgggatt	taaatcgcta	gcgggctgct	aaaggaagcg	gaacacgtag	1560
aaagccagtc	cgcagaaacg	gtgctgacct	cggatgaatg	tcagctactg	ggctatctgg	1620
acaagggaaa	acgcaagcgc	aaagagaaag	caggtagctt	gcagtgggct	tacatggcga	1680
tagctagact	ggcggttttt	atggacagca	agcgaaccgg	aattgccagc	tggggcgccc	1740
tctggtaagg	ttgggaagcc	ctgcaaagta	aactggatgg	ctttcttgcc	gccaaggatc	1800
tgatggcgca	ggggatcaag	atctgatcaa	gagacaggat	gaggatcggt	tccgatgatt	1860
gaacaagatg	gattgcacgc	aggttctccg	gccgcttggg	tggagaggct	attcggctat	1920
gactgggcac	aacagacaat	cggctgctct	gatgccggcg	tgttccggct	gtcagcgag	1980
gggcgcccgg	ttctttttgt	caagaccgac	ctgtccgggtg	ccctgaatga	actgcaggac	2040

gaggcagcgc ggctatcgtg gctggccacg acggggcggttc cttgcgcagc tgtgctcgac 2100  
gttgtcactg aagcgggaag ggactggctg ctattgggcg aagtgccggg gcaggatctc 2160  
ctgtcatctc accttgctcc tgccgagaaa gtatccatca tggctgatgc aatgcggcgg 2220  
ctgcatacgc ttgatccggc tacctgcccc ttccgaccacc aagcgaaaca tcgcatcgag 2280  
cgagcacgta ctccgatgga agccgggtctt gtcgatcagg atgatctgga cgaagagcat 2340  
caggggctcg cgccagccga actgttcgcc aggctcaagg cgcgcgatgcc cgacggcgag 2400  
gatctcgctg tgacccatgg cgatgcctgc ttgccgaata tcatggtgga aaatggccgc 2460  
ttttctggat tcatcgactg tggccggctg ggtgtggcgg accgctatca ggacatagcg 2520  
ttggctaccc gtgatattgc tgaagagctt ggcggcgaat gggctgaccg ctctctcgctg 2580  
ctttacggta tcgccgctcc cgattcgag cgcctcgctt tctatcgctt tcttgacgag 2640  
ttcttctgag cgggactctg gggttcgaaa tgaccgacca agcgacgcc aacctgccat 2700  
cacgagattt cgattccacc gccgccttct atgaaagggt gggcttcgga atcgttttcc 2760  
gggacgcggc ctggatgatc ctccagcgcg gggatctcat gctggagttc ttcccccacg 2820  
ctagcggcgc gccggccggc ccggtgtgaa ataccgcaca gatgcgtaag gagaaaatac 2880  
cgcatcaggc gctcttccgc ttctctgctc actgactcgc tgcgctcggc cgttcggctg 2940  
cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga atcaggggat 3000  
aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc 3060  
gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcaca aaatcgacgc 3120  
tcaagtcaga ggtggcgaaa ccgacagga ctataaagat accaggcggt tccccctgga 3180  
agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct gtccgccttt 3240  
ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcgggtg 3300  
taggtcggtc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc 3360  
gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccgggtaa gacacgactt atcgccactg 3420  
gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtg tacagagttc 3480  
ttgaagtggg ggccctaacta cggtacact agaaggacag tatttgggtat ctgcgctctg 3540  
ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc 3600  
gctggtagcg gtgggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct 3660  
caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga aaactcacgt 3720  
taagggattt tggatcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct tttaaaggcc 3780  
ggccgcggcc gcgcaaagtc ccgcttcgtg aaaattttcg tgccgcgtga ttttccgcc 3840  
aaaactttta cgaacgttcg ttataatggg gtcacgacct tcacgacgaa gtactaaaat 3900  
tggcccgaat catcagctat ggatctctct gatgtcgcgc tggagtccga cgcgctcgat 3960

gctgccgtcg atttaaaaac ggtgatcgga tttttccgag ctctcgatac gacggacgcg 4020  
ccagcatcac gagactgggc cagtgccgcg agcgacctag aaactctcgt ggcggtatctt 4080  
gaggagctgg ctgacgagct gcgtgctcgg ccagcgccag gaggacgcac agtagtggag 4140  
gatgcaatca gttgcgccta ctgcggtggc ctgattcctc cccggcctga cccgcgagga 4200  
cggcgcgcaa aatattgctc agatgcgtgt cgtgccgcag ccagccgcga gcgcgccaac 4260  
aaacgccacg ccgaggagct ggaggcggct aggtcgcaaa tggcgctgga agtgcgtccc 4320  
ccgagcgaaa ttttggccat ggtcgtcaca gagctggaag cggcagcgag aattatcgcg 4380  
atcgtggcgg tgcccgcagg catgacaaac atcgtaaatg ccgcgttttcg tgtgccgtgg 4440  
ccgcccagga cgtgtcagcg ccgccaccac ctgcaccgaa tcggcagcag cgtcgcgcgt 4500  
cgaaaaagcg cacaggcggc aagaagcgat aagctgcacg aatacctgaa aaatgttgaa 4560  
cgccccgtga gcggttaactc acagggcgctc ggctaaccac cagtccaaac ctgggagaaa 4620  
gcgctcaaaa atgactctag cggattcacg agacattgac acaccggcct ggaaattttc 4680  
cgctgatctg ttcgacaccc atcccagct cgcgctgcga tcacgtggct ggacgagcga 4740  
agaccgccgc gaattcctcg ctcacctggg cagagaaaat ttccagggca gcaagaccgc 4800  
cgacttcgcc agcgcttggga tcaaagaccc ggacacggag aaacacagcc gaagttatac 4860  
cgagttgggt caaaatcgct tgcccggctc cagtatgttg ctctgacgca cgcgacgcac 4920  
gcagccgtgc ttgtcctgga cattgatgtg ccgagccacc aggccggcgg gaaaatcgag 4980  
cacgtaaacc ccgaggtcta cgcgattttg gagcgctggg cacgcctgga aaaagcgcca 5040  
gcttggtatcg gcgtgaatcc actgagcggg aaatgccagc tcatctggct cattgatccg 5100  
gtgtatgccg cagcaggcat gagcagcccg aatatgcgcc tgctggctgc aacgaccgag 5160  
gaaatgaccc gcgttttcgg cgctgaccag gctttttcac ataggctgag ccgtggccac 5220  
tgactctcc gacgatccca gccgtaccgc tggcatgccc agcacaatcg cgtggatcgc 5280  
ctagctgata ttatggaggt tgctcgcatg atctcaggca cagaaaaacc taaaaaacgc 5340  
tatgagcagg agttttctag cggacgggca cgtatcgaa cggcaagaaa agccactgcg 5400  
gaagcaaaag cacttgccac gcttgaagca agcctgccga gcgccgctga agcgtctgga 5460  
gagctgatcg acggcgctccg tgctcctctgg actgctccag ggctgtccgc ccgtgatgag 5520  
acggcttttc gccacgcttt gactgtggga taccagttaa aagcggctgg tgagcgctta 5580  
aaagacacca agggctacgc agcctacgag cgtgcctaca ccgtcgctca ggcggtcgga 5640  
ggaggccgtg agcctgatct gccgccggac tgtgaccgcc agacggattg gccgcgacgt 5700  
gtgcgcggct acgtcgctaa aggccagcca gtcgtccctg ctcgtcagac agagacgcag 5760  
agccagccga ggcgaaaagc tctggccact atgggaagac gtggcggtta aaaggccgca 5820

gaacgctgga aagacccaaa cagtgagtac gcccgagcac agcgagaaaa actagctaag 5880  
tccagtcaac gacaagctag gaaagctaaa ggaaatcgct tgaccattgc aggttggttt 5940  
atgactgttg agggagagac tggctcgtgg ccgacaatca atgaagctat gtctgaattt 6000  
agcgtgtcac gtcagaccgt gaatagagca cttaaggtct gcgggcattg aacttccacg 6060  
aggacgccga aagcttccca gtaaatgtgc catctcgtag gcagaaaacg gttccccctg 6120  
agggctctctc tcttggcctc ctttctaggt cgggctgatt gctcttgaag ctctctaggg 6180  
gggctcacac cataggcaga taacgttccc caccggctcg cctcgtaagc gcacaaggac 6240  
tgctcccaaa gatcttcaaa gccactgccg cgactgcctt cgcgaaagcct tgccccgcgg 6300  
aaatttctctc caccgagttc gtgcacaccc ctatgccaaag cttctttcac cctaaattcg 6360  
agagattgga ttcttaccgt ggaaattctt cgcaaaaatc gtccccctgat cgcccttgcg 6420  
acgttggcgt cggtgccgct ggttgcgctt ggcttgaccg acttgatcag cggccgctcg 6480  
atttaaattct cgagaggcct gacgtcgggc ccggtaccac gcgtcatatg actagtccg 6540  
acctagggat atcgtcgaca tcgatgctct tctgcgttaa ttaacaattg g 6591

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP 03/09453

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C12P13/04 C12P13/12

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C12P

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, CHEM ABS Data, EMBL, BIOSIS, EMBASE

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 02 18613 A (DEGUSSA) 7 March 2002 (2002-03-07) cited in the application the whole document ---	1-16
X	WO 02 10206 A (DEGUSSA) 7 February 2002 (2002-02-07) claims 15,19 ---	1-16
X,P	WO 02 097096 A (DEGUSSA) 5 December 2002 (2002-12-05) claims 14,19 ---	1-16
X	WO 02 10209 A (DEGUSSA) 7 February 2002 (2002-02-07) claims 16,20 ---	1-16
	--- -/--	

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.☒ Patent family members are listed in annex.

## \* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&amp;" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

10 February 2004

Date of mailing of the international search report

02/03/2004

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Douschan, K



# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/EP 03/09453

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	HWANG BYUNG-JOON ET AL: "Corynebacterium glutamicum utilizes both transsulfuration and direct sulphydrylation pathways for methionine biosynthesis" JOURNAL OF BACTERIOLOGY, vol. 184, no. 5, March 2002 (2002-03), pages 1277-1286, XP002269798 ISSN: 0021-9193 the whole document	1-16
Y,P	--- REY DANIEL ALEXANDER ET AL: "The putative transcriptional repressor McbR, member of the TetR-family, is involved in the regulation of the metabolic network directing the synthesis of sulfur containing amino acids in Corynebacterium glutamicum." JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY, vol. 103, no. 1, 12 June 2003 (2003-06-12), pages 51-65, XP001152914 ISSN: 0168-1656 (ISSN print) the whole document	1-16
A	--- WO 93 17112 A (GENENCOR INT) 2 September 1993 (1993-09-02) the whole document -----	1-16

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 03/09453

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 0218613	A	07-03-2002	DE 10109690 A1	14-03-2002
			AU 8966601 A	13-03-2002
			WO 0218613 A1	07-03-2002
			EP 1313871 A1	28-05-2003
			US 2002110878 A1	15-08-2002
WO 0210206	A	07-02-2002	DE 10109686 A1	21-02-2002
			AU 8763101 A	13-02-2002
			WO 0210206 A2	07-02-2002
			EP 1307477 A2	07-05-2003
			US 2002049305 A1	25-04-2002
WO 02097096	A	05-12-2002	DE 10126164 A1	05-12-2002
			WO 02097096 A2	05-12-2002
			US 2003092026 A1	15-05-2003
WO 0210209	A	07-02-2002	DE 10109687 A1	21-02-2002
			AU 8584401 A	13-02-2002
			WO 0210209 A1	07-02-2002
			EP 1307475 A1	07-05-2003
			US 2002048793 A1	25-04-2002
WO 9317112	A	02-09-1993	CA 2130347 A1	02-09-1993
			EP 0630406 A1	28-12-1994
			JP 7503855 T	27-04-1995
			WO 9317112 A1	02-09-1993

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/09453

**A. KLASSTIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES**  
IPK 7 C12P13/04 C12P13/12

Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)  
IPK 7 C12P

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, CHEM ABS Data, EMBL, BIOSIS, EMBASE

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	WO 02 18613 A (DEGUSSA) 7. März 2002 (2002-03-07) in der Anmeldung erwähnt das ganze Dokument ---	1-16
X	WO 02 10206 A (DEGUSSA) 7. Februar 2002 (2002-02-07) Ansprüche 15,19 ---	1-16
X,P	WO 02 097096 A (DEGUSSA) 5. Dezember 2002 (2002-12-05) Ansprüche 14,19 ---	1-16
X	WO 02 10209 A (DEGUSSA) 7. Februar 2002 (2002-02-07) Ansprüche 16,20 ---	1-16
-/--		

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

\* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderscher Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderscher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

10. Februar 2004

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

02/03/2004

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde  
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Douschan, K

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	HWANG BYUNG-JOON ET AL: "Corynebacterium glutamicum utilizes both transsulfuration and direct sulfhydrylation pathways for methionine biosynthesis" JOURNAL OF BACTERIOLOGY, Bd. 184, Nr. 5, März 2002 (2002-03), Seiten 1277-1286, XP002269798 ISSN: 0021-9193 das ganze Dokument	1-16
Y,P	REY DANIEL ALEXANDER ET AL: "The putative transcriptional repressor McbR, member of the TetR-family, is involved in the regulation of the metabolic network directing the synthesis of sulfur containing amino acids in Corynebacterium glutamicum." JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY, Bd. 103, Nr. 1, 12. Juni 2003 (2003-06-12), Seiten 51-65, XP001152914 ISSN: 0168-1656 (ISSN print) das ganze Dokument	1-16
A	WO 93 17112 A (GENENCOR INT) 2. September 1993 (1993-09-02) das ganze Dokument	1-16

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/09453

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 0218613 A	07-03-2002	DE 10109690 A1	14-03-2002
		AU 8966601 A	13-03-2002
		WO 0218613 A1	07-03-2002
		EP 1313871 A1	28-05-2003
		US 2002110878 A1	15-08-2002
WO 0210206 A	07-02-2002	DE 10109686 A1	21-02-2002
		AU 8763101 A	13-02-2002
		WO 0210206 A2	07-02-2002
		EP 1307477 A2	07-05-2003
		US 2002049305 A1	25-04-2002
WO 02097096 A	05-12-2002	DE 10126164 A1	05-12-2002
		WO 02097096 A2	05-12-2002
		US 2003092026 A1	15-05-2003
WO 0210209 A	07-02-2002	DE 10109687 A1	21-02-2002
		AU 8584401 A	13-02-2002
		WO 0210209 A1	07-02-2002
		EP 1307475 A1	07-05-2003
		US 2002048793 A1	25-04-2002
WO 9317112 A	02-09-1993	CA 2130347 A1	02-09-1993
		EP 0630406 A1	28-12-1994
		JP 7503855 T	27-04-1995
		WO 9317112 A1	02-09-1993